



**ANÁLISE PROTEÔMICA E FISIOLÓGICA REVELA DIFERENÇAS
ENTRE POPULAÇÕES DE *Myrsine coriacea* SUBMETIDAS À
CONDIÇÃO DE JARDIM COMUM**

ROBERTA PENA DA PASCHOA

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE

CAMPOS DOS GOYTACAZES

FEVEREIRO/2023

**ANÁLISE PROTEÔMICA E FISIOLÓGICA REVELA DIFERENÇAS
ENTRE POPULAÇÕES DE *Myrsine coriacea* SUBMETIDAS À
CONDIÇÃO DE JARDIM COMUM**

ROBERTA PENA DA PASCHOA

“Tese apresentada ao Centro de
Biociências e Biotecnologia da
Universidade Estadual do Norte
Fluminense Darcy Ribeiro,
como parte dos requisitos para a
obtenção do título de Doutora
em Biotecnologia Vegetal”

Orientador: Prof. Dr. Vanildo Silveira

Coorientadora: Profa. Dra. Tatiana Tavares Carrijo

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE

CAMPOS DOS GOYTACAZES

FEVEREIRO/2023

FICHA CATALOGRÁFICA

UENF - Bibliotecas

Elaborada com os dados fornecidos pela autora.

P279

Paschoa, Roberta Pena da.

Análise Proteômica e Fisiológica revela diferenças entre populações de *Myrsine coriacea* submetidas à condição de jardim comum / Roberta Pena da Paschoa. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2023.

74 f. : il.

Inclui bibliografia.

Tese (Doutorado em Biotecnologia Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Biociências e Biotecnologia, 2023.

Orientador: Vanildo Silveira.

Coorientadora: Tatiana Tavares Carrijo.

1. População natural. 2. Proteômica comparativa. 3. Altitude. 4. Gradiente Altitudinal. 5. Primulaceae. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 660.6

ROBERTA PENA DA PASCHOA

**ANÁLISE PROTEÔMICA E FISIOLÓGICA REVELA DIFERENÇAS
ENTRE POPULAÇÕES DE *Myrsine coriacea* SUBMETIDAS À
CONDIÇÃO DE JARDIM COMUM**

“Tese apresentada ao Centro de
Biotecnologia e Biotecnologia da
Universidade Estadual do Norte
Fluminense Darcy Ribeiro, como
parte dos requisitos para a obtenção
do título de Doutora em
Biotecnologia Vegetal”

Aprovada em 28 de fevereiro de 2023

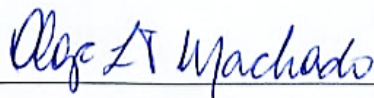
Banca Avaliadora:



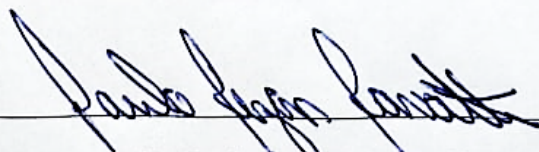
Dr. Vanildo Silveira (UENF) – Orientador



Dr. Antônio Teixeira do Amaral Júnior (UENF)



Dra. Olga Lima Tavares Machado (UENF)



Dr. Paulo César Cavatte (UFES)

AGRADECIMENTOS

Nesses ultimos quatro anos aprendi muito; não apenas sobre Biotecnologia Vegetal, mas sobre a vida. São tantas pessoas para agradecer, que palavras jamais definirão toda gratidão que sinto por cada uma delas. Agradeço por cada momento vivido, por cada aprendizado e por cada amizade.

Gostaria de começar agradecendo a Deus, que é meu melhor amigo e que caminha comigo todo o tempo.

Aos meus pais, Maria Lúcia Pena da Paschoa e José Roberto Venâncio da Paschoa, porque acreditaram e investiram em mim. Eles me deram apoio, compreensão, ajuda, carinho, atenção e dedicação ao longo deste percurso. Em especial a minha mãe, uma professora incrível. A senhora é minha maior inspiração!

Aos meus irmãos, Rômulo Pena da Paschoa e Rafael Pena da Paschoa, pelo carinho e por estarem sempre ao meu lado. E claro, por terem me dado os sobrinhos mais lindos desse mundo. Quantas vezes assisti vídeos deles para me acalmar e me dar ânimo... incontáveis vezes!

Aos meus avós, Angelina Maria da Paschoa, José Venâncio da Paschoa e Erotildes da Silva Pena que sempre me deram apoio, conselhos (como eu aprendi com vocês!) e um colo nos momentos difíceis.

Agradeço a minha namorada e companheira de vida, Arícia. Obrigada por tanta compreensão, colaboração, dedicação e amor. Sem você nada disso seria possível!

Aos meus amigos, pelos momentos compartilhados e por muitas vezes terem sido minha válvula de escape.

Aos amigos e colaboradores dos laboratórios de Botânica da UFES (Universidade Federal do Espírito Santo) e de Biotecnologia da UENF (Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro), por todo apoio durante a pesquisa. Obrigada por todas as vezes que me

ajudaram, sem vocês nada disso seria possível. Em especial, ao Dr. Vítor Batista Pinto por todos os ensinamentos e pela amizade.

À UENF e a CAPES (Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior), pela concessão da bolsa de estudo. A FAPERJ (Fundação de Amparo à Pesquisa do Estado do Rio de Janeiro), a FAPES (Fundação de Amparo à Pesquisa do Espírito Santo), ao CNPQ (Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico) e a VALE pelo financiamento da pesquisa a qual esse trabalho está vinculado;

Ao programa de Biotecnologia Vegetal da UENF e meus professores, por todo ensinamento passado.

Ao meu orientador, Dr. Vanildo silveira e a minha coorientadora, Dra. Tatiana Tavares Carrijo, pela dedicação, por todo ensinamento, por todo apoio e incentivo na realização deste trabalho, e por terem contibuido tanto com meu crescimento profissional.

Esse momento é mais que a conquista de um título, é um sonho sendo realizado!

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	6
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	9
2.1 <i>Myrsine coriacea</i>	9
2.2 Gradientes altitudinais.....	11
2.3 Plasticidade fenotípica.....	13
2.4 Ecofisiologia.....	14
2.5 Proteômica em plantas.....	16
2.6 Proteômica aplicada ao estudo da diversidade genética.....	18
3. OBJETIVOS	21
3.1 Objetivo geral.....	21
3.2 Objetivos específicos.....	21
4 MATERIAL E MÉTODOS.....	21
4.1 Amostragem	21
4.2 Análises proteômicas.....	23
4.2.1 Extração e quantificação de proteínas	23
4.2.2 Digestão de proteínas	24
4.2.3 Análise de espectrometria de massa	24
4.2.4 Análise bioinformática	25
4.3 Parâmetros fisiológicos	27
4.3.1 Análise dos dados.....	28
5 RESULTADOS	28
5.1 Análises proteômicas.....	28
5.2 Parâmetros fisiológicos	36
6 DISCUSSÃO	40
7 CONCLUSÕES	44
8. CONSIDERAÇÕES FINAIS.....	45
9 REFERÊNCIAS	48

RESUMO

As plantas se ajustam às variações ambientais reprogramando seus níveis de expressão gênica. Essas respostas, quando refletidas fenotipicamente, podem se tornar permanentes caso a exposição a uma determinada condição ambiental seja contínua, podendo ser geneticamente manifestada a longo prazo. Como a expressão de proteínas é sensível às variações ambientais, torna-se difícil distinguir o quanto destas diferenças decorrem do ambiente ou de diferenças intrínsecas às populações. Uma forma de contornar essa dificuldade, é o desenvolvimento de estudos em populações cultivadas em condições de jardim comum. *Myrsine coriacea* é uma espécie de arbusto que apresenta ampla variação fenotípica e capacidade de ocupar diferentes ambientes. Esse estudo foi conduzido em plantas germinadas a partir de sementes coletadas em populações nativas da espécie localidades na região Sudeste do Brasil em quatro altitudes distintas (657 m, 930 m, 1229 m e 2019 m), cultivadas em um plantio experimental. Análises fisiológicas e proteômicas foram combinadas. Com base nas proteínas identificadas, a análise de agrupamento revelou a formação de dois grupos, um com indivíduos da população de maior altitude (2019 m de altitude, clima tropical de altitude) e o outro com indivíduos das outras populações estudadas. A comparação entre esta população de maior altitude e as demais populações mostrou 170 proteínas diferencialmente acumuladas. A análise das vias KEGG revelou um elevado número de proteínas, na sua maioria reprimidas (down-acumuladas), envolvidas na "fixação de carbono em organismos fotossintéticos". Esse resultado está em concordância com os resultados das análises fisiológicas, onde foram encontradas baixas concentrações de nitrogênio foliar, taxa líquida de assimilação de CO₂, área foliar específica e taxa de crescimento relativo da altura do caule, e maior composição isotópica do carbono foliar e do Carbono Foliar detectadas na população de maior altitude. Sugerimos que as pressões de seleção abiótica no ambiente de alta altitude são os principais mecanismos que mantêm a variação da população de maior altitude em relação às outras.

Palavras-chave: População natural, Proteômica comparativa, Altitude, Gradiente Altitudinal, Primulaceae

ABSTRACT

Plants adjust to environmental variations by reprogramming their gene expression levels. These responses, when reflected phenotypically, may become permanent if exposure to a particular environmental condition is continuous and may be genetically manifested in the long term. Since protein expression is sensitive to environmental variations, it becomes difficult to distinguish how much of these differences are due to the environment or to intrinsic population differences. One way to circumvent this difficulty is to develop studies on populations grown under common garden conditions. *Myrsine coriacea* is a shrub species that presents wide phenotypic variation and the ability to occupy different environments. This study was conducted on plants germinated from seeds collected from native populations of the species in different locations in the Southeast region of Brazil at four distinct altitudes (657, 930, 1229 and 2019), and cultivated in an experimental plantation. Physiological and proteomic analyses were combined. Based on the identified proteins, the cluster analysis revealed the formation of two groups, one with individuals from the highest altitude (2019 m altitude, high altitude tropical climate) population and the other with individuals from the other populations studied. The comparison between this high-altitude population and all other populations showed that 170 proteins were differentially accumulated. KEGG pathway analysis revealed a high number of proteins, mostly down-accumulated, involved in "Carbon fixation in photosynthetic organisms". This result is in agreement with the results of the physiological analyses, where we found low concentrations of leaf nitrogen, net CO₂ assimilation rate, specific leaf area and Relative growth rate of stem height, and high isotopic composition of leaf carbon. Leaf Carbon was detected in higher-altitude population. We suggest that abiotic selection pressures in the high-altitude environment are the main mechanisms that maintain the variation of the high-altitude population in relation to the others.

Keywords Natural population, Comparative proteomics, Altitude, Altitudinal gradient, Primulaceae

1. INTRODUÇÃO

O entendimento sobre a forma como as plantas respondem às mudanças ambientais é fundamental à compreensão dos processos de adaptação e especiação destes organismos. Gradientes de altitude são particularmente interessantes para estudos voltados ao entendimento destes processos porque se caracterizam por alterações do ambiente físico, tais como, temperatura, pressão atmosférica, humidade, radiação ultravioleta, entre outros (KÖRNER, 2007a). Gradientes de altitude oferecerem a possibilidade de testar a influência destas variações abióticas nas respostas dos organismos. Plantas, por exemplo, se ajustam às variações ambientais, reprogramando seus níveis de expressão gênica para regular as respostas bioquímicas, moleculares e fisiológicas (OSAKABE et al., 2014). Essas respostas, quando refletidas fenotipicamente, podem se tornar permanentes se a exposição a uma condição específica for contínua e podem se manifestar geneticamente a longo prazo (LI et al., 2018).

Estudos de proteômica comparativa tem revelado diferenças entre populações de plantas quando submetidas a ambientes contrastantes, tais como gradientes altitudinais (CHEVALIER et al., 2004; LOPEZ-PEDROUSO et al., 2014; MOUZO et al., 2018). Os estudos químicos, estruturais e funcionais das proteínas podem contribuir para compreender o comportamento evolutivo das plantas e as relações com os ecossistemas onde se encontram (DIZ; MARTÍNEZ-FERNÁNDEZ; ROLÁN-ALVAREZ, 2012; VOELCKEL; GRUENHEIT; LOCKHART, 2017). As proteínas estão relacionadas com praticamente todas as funções de um organismo vivo e são o produto da maioria das vias de informação. O proteoma é dinâmico (TYERS; MANN, 2003), sendo constantemente modificado por interações bioquímicas entre o genoma e o ambiente (ABHILASH; TECH, 2009; MUNOZ; HECK, 2014).

A proteômica comparativa mostrou que as populações de uma mesma espécie localizadas em diferentes altitudes ajustam seu metabolismo para sobreviver a essas condições (SHARMA; DESWAL, 2021). Populações submetidas a altas altitudes precisam lidar com fatores abióticos,

como menor pressão atmosférica, menor conteúdo de CO₂, temperaturas menos elevadas e menor disponibilidade de nutrientes. Portanto, espécies que ocorrem em um gradiente de altitude podem apresentar variações morfológicas e fisiológicas expressivas (DOLKAR et al., 2019; GURUNG et al., 2019; GURUNG; RATNAM; RAMAKRISHNAN, 2018). A variação fenotípica expressa em plantas de uma mesma espécie oriundas de um gradiente altitudinal e cultivadas sob as mesmas condições ambientais, pode ser resultado de uma resposta adaptativa ou plástica (HOVENDEN; BRODRIBB, 2000; HOVENDEN; VANDER SCHOOR, 2004a; KÖRNER; DIEMER, 1994). A adaptação local pode ser decorrente a fatores edafoclimáticos, como gradientes de latitude (TORÄNG et al., 2015) ou altitude (ALBERTO et al., 2011), ou por causa de ambientes contrastantes, como diferentes concentrações de sal na água (DEFAVERI; MERILÄ, 2014). Dessa forma, a proteômica pode ajudar na compreensão dos mecanismos moleculares envolvidos na adaptação de espécies a diferentes ambientes (DIZ; MARTÍNEZ-FERNÁNDEZ; ROLÁN-ALVAREZ, 2012; LI et al., 2014a; MA et al., 2015a; VOELCKEL; GRUENHEIT; LOCKHART, 2017).

Como a expressão da proteína é sensível às variações ambientais, fica difícil separar quanto dessas diferenças se devem ao ambiente ou diferenças intrínsecas entre as populações. Uma maneira de contornar essa dificuldade é desenvolver estudos com populações cultivadas sob condição de jardim comum (DE VILLEMEREUIL et al., 2016). Experimentos de jardim comum ajudam a entender a adaptação local, possibilitando avaliar a importância relativa dos efeitos plásticos e genéticos dentro da mesma espécie (DE VILLEMEREUIL et al., 2016). Se os efeitos genotípicos estiverem presentes, eles são potencialmente indicativos de adaptação local (HOFFMANN; SGRÒ, 2011).

Myrsine coriacea é uma Angiosperma que possui ampla capacidade de ocupar diferentes ambientes (SÁNCHEZ-TAPIA et al., 2018), apresentando uma variação fenotípica expressiva (CARRIJO et al., 2017; PIPOLY, 1991; RICKETSON; PIPOLY III, 1997). Na Floresta

Atlântica, a espécie pode ocorrer em ambientes próximos ao nível do mar até os campos de altitude (CARRIJO et al., 2017). A diversidade genética (PASCHOA et al., 2018), morfológica e fisiológica (PEREIRA et al., 2022) em populações distribuídas ao longo de um gradiente topográfico da Floresta Atlântica indicam alta variabilidade genética e plasticidade fenotípica. É necessário, então, compreender melhor a influência dos fatores genéticos e ambientais na variação fenotípica em *M. coriacea*. Estudos com populações naturais que ocorrem ao longo de um gradiente topográfico podem ajudar na compreensão da variação fenotípica potencialmente adaptativa em plantas na natureza e as estratégias adaptativas e de sobrevivência das populações.

Neste estudo, investigamos o perfil proteômico e as respostas fisiológicas das plantas germinadas a partir de sementes provenientes de populações naturais de *M. coriacea* que ocorrem ao longo de um gradiente de altitude da floresta atlântica e submetidas a condições comuns do jardim. Nossas descobertas fornecem novas ideias sobre os mecanismos moleculares envolvidos na adaptação local de diferentes populações de *M. coriacea*. Nossa expectativa é que as plantas da população de maior altitude respondam de forma diferente das demais populações no jardim comum. Por exemplo, plantas de altitude mais elevada podem ter uma maior eficiência fotossintética em baixas temperaturas e uma maior capacidade de resistir à radiação ultravioleta, devido à presença de pigmentos fotoprotetores (PITTERMANN; SAGE, 2000; RUHLAND; DYSLIN; KRENZ, 2013). Essas adaptações podem resultar em diferenças na taxa de crescimento, na alocação de recursos e na resposta ao estresse ambiental, quando comparadas com as plantas de baixa altitude.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1 *Myrsine coriacea*

Primulaceae é uma família de plantas que abrange 2.590 espécies, distribuídas em 58 gêneros (STEVENS 2001 onwards). No Brasil, são registrados 11 gêneros e 140 espécies pertencentes à esta família (ZAPPI et al., 2015). As subfamílias são classificadas com base em descritores morfológicos, compreendendo flores haplostêmones, com corola simpétala, estames opositipétalos, placentação central livre, óvulos bitegmáticos, tenuinucelados e endosperma de formação nuclear (KÄLLERSJÖ; BERGQVIST; ANDERBERG, 2000).

Myrsine L. é um dos principais gêneros da família Primulaceae, o qual inclui cerca de 300 espécies com porte arbustivo ou arvoretas de ocorrência pantropical (RICKETSON; PIPOLY III, 1997; STÅHL; ANDERBERG, 2004). No Brasil, as espécies do gênero são conhecidas popularmente como “capororoca”(FREITAS; KINOSHITA, 2015). É um dos gêneros de Primulaceae com maior riqueza de espécies no Brasil, somando 26 táxons distribuídos em diferentes biomas (ZAPPI et al., 2015).

As espécies desse gênero são utilizadas para fins farmacológicos, apresentando relatos de ação anti-helmíntica, anti-inflamatória e com atividades analgésicas (ABBHI et al., 2016; GITHIORI et al., 2002; LEITE et al., 2010). A madeira é utilizada como fonte de combustível, como matéria para extração de tanino e como estacas na construção civil, para confecção de brinquedos, miolo de portas e painéis (LORENZI, 1992, 2009; SMITH; DOWNS, 1957). As folhas são utilizadas como tintoriais, os frutos são fonte alimentícia para várias espécies de pássaros e os indivíduos são utilizados para reflorestamento (LORENZI, 1992; PINESCHI, 1990; SIQUEIRA, 1987).

Espécies de *Myrsine* também são utilizadas na medicina popular para o tratamento de doenças (GATHUMA et al., 2004; KAKRANI; KAKRANI, 1982) como aditivos alimentares

(JOHNS et al., 1999). A extração de Myrsicorianol (K) é utilizada para produção de um composto sequestrante de radicais e/ou antioxidante (AMARO-LUIS et al., 2008).

No Brasil, há espécies de *Myrsine* que ocorrem em mais de um domínio fitogeográfico como Cerrado, Floresta Atlântica e Floresta Amazônica ((e.g., *M. umbellata* Mart., *M. dependens* (Ruiz & Pav.) Spreng. e *M. guianensis* (Aubl.) Kuntze), enquanto outras são restritas a um desses domínios fitogeográficos (e.g., *M. altomontana* M.F.Freitas & Kin.-Gouv., *M. balansae* (Mez) Otegui e *M. congesta* (Sw.) Pipoly), exclusivas da Floresta Atlântica (FREITAS, 2023). Entre as espécies que ocorrem na Floresta Atlântica, por exemplo, algumas são capazes de ocupar diferentes tipos de vegetação dentro deste bioma, incluindo Vegetação de Restinga, Campos de Alta Altitude, Afloramentos Rochosos, Ombrófilos e Florestas Ombrófilas Mistas, enquanto outras se restringem a apenas um tipo de vegetação (*Myrsine rubra* M.F.Freitas & Kin.-Gouv) (FREITAS, 2023).

Myrsine coriacea (Sw) R. Br. ex Roem. & Schult. é uma espécie dioica, de hábito arbustivo a arbóreo (FREITAS; KINOSHITA, 2015). A espécie possui frutos atrativos à avifauna (JESUS; MONTEIRO-FILHO, 2007; PASCOTTO, 2007), potencializando a ornitocoria (BEGNINI; DA SILVA; CASTELLANI, 2013). O sombreamento da copa auxilia na supressão de gramíneas, facilitando o estabelecimento de plântulas de outras espécies de Angiospermas (SILVEIRA et al., 2013).

Os indivíduos de *M. coriacea* tem ocorrência nas Américas Central e do Sul (GARDEN, 2011), e estudos populacionais realizados na Floresta Atlântica revelaram alta diversidade genética, principalmente intrapopulacional (PASCHOA et al., 2018). Na Floresta Atlântica, populações nativas de *M. coriacea* são encontradas em diferentes tipos de vegetação (Floresta Estacional Semidecidual, Floresta Ombrófila - Floresta Pluvial, Floresta Ombrófila Mista e Restinga), ocupando caracteristicamente áreas descampadas (FREITAS, 2015; FREITAS; KINOSHITA, 2015; ZAPPI et al., 2015).

A ampla capacidade de *M. coriacea* ocupar diferentes ambientes (FREITAS; KINOSHITA, 2015) e sua diversidade genética (PASCHOA et al., 2018) e fisiológica parece indicar alta plasticidade fenotípica (VALENTE, 2017). *Myrsine coriacea* apresenta uma variação fenotípica expressiva, essa variação se dá tanto no hábito, na densidade de indumento que cobre as partes vegetativas e reprodutivas, na forma e no tamanho da folha (CARRIJO et al., 2017; PIPOLY, 1991; RICKETSON; PIPOLY III, 1997). Considerando a expressiva variação fenotípica encontrada em *M. coriacea*, distinguir quando a variação fenotípica tem origem genética ou ambiental é complexo, pois dificulta na identificação das subespécies.

As causas das variações fenotípicas em *M. coriacea* são pouco conhecidas e a dificuldade em distinguir se as variações possuem origem genética ou ambiental é refletida na circunscrição taxonômica da espécie. Os taxonomistas reconhecem duas subespécies (*M. coriacea* subsp. *nigrescens* (Lundell) Ricketson & Pipoly e *M. coriacea* subsp. *reticulata* (Steyerm.) Pipoly), além da subespécie tipo (*Myrsine coriacea* (Sw) R. Br. ex Roem. & Schult.) e cerca de 39 sinônimos (GARDEN, 2011).

Dados obtidos recentemente (PASCHOA et al., 2018; PEREIRA et al., 2022; SPADETO et al., 2017) indicam a necessidade de uma investigação profunda em relação as variações gênicas em *M. coriacea*. Desta forma será possível entender se e quais características fenotípicas são reflexo de plasticidade fenotípica ou da diversificação filogenética na espécie.

2.2 Gradientes altitudinais

Entender como as plantas respondem às mudanças ambientais é fundamental à compreensão dos processos de adaptação e especiação das plantas. Os gradientes de altitude são particularmente interessantes porque são caracterizados por mudanças acentuadas em várias características do ambiente físico, como temperatura, pressão atmosférica, umidade, horas de

sol, radiação ultravioleta, vento, duração da estação e geologia (AHMAD et al., 2016a; CHEN et al., 2014; KORNER, 2007; RAHMAN et al., 2019).

Os gradientes de altitude apresentam desafios para uma adaptação bem-sucedida das plantas. Com o aumento da altitude, percebe-se que determinadas espécies de plantas são substituídas por outras espécies, dando origem a diferentes tipos de vegetação. Algumas espécies são restritas a uma área, enquanto outras crescem em uma ampla gama de altitudes, adaptando-se a condições particulares por meio de plasticidade fenotípica e modificação genética (BYARS; PAPST; HOFFMANN, 2007a; CLAUSEN; KECK; HIESEY, 1940a; HOVENDEN; VANDER SCHOOR, 2004b).

Populações de plantas com ocorrência ao longo de um gradiente altitudinal podem apresentar variação em suas características morfo-anatômicas e fisiológicas (AHMAD et al., 2016a; RAHMAN et al., 2020a). A variação fenotípica ao longo dos gradientes altitudinais se deve a condições cada vez mais severas com ganho altitudinal (KÖRNER, 2007b). À medida que a altitude aumenta, as plantas tornam-se menores (BYARS; PAPST; HOFFMANN, 2007b; CLAUSEN; KECK; HIESEY, 1940b), reduzem o investimento reprodutivo (PLUESS; STÖCKLIN, 2005) e aumentam o investimento em tecido foliar mais denso como meio de armazenamento ou defesa estrutural (KÖRNER, 1989). Embora essas variações sejam bem descritas, os processos subjacentes que levam a essas variações fenotípicas não são claramente compreendidos.

A exposição prolongada a um determinado ambiente, como altitude elevada, pode desenvolver um conjunto particular de características, e esta pode ser a razão de sua diferença de resposta quando cultivadas na mesma altitude (GRATANI, 2014). Dessa forma, populações de plantas situadas em altitudes elevadas, podem apresentar características distintas das demais populações ao longo do gradiente altitudinal (AHMAD et al., 2016b; RAHMAN et al., 2020b).

Áreas de elevada altitude com extrema diferenciação climática e geográfica proporcionam oportunidades para estudar os mecanismos adaptativos das plantas, que estão expostas a várias tensões altitudinais como frio, geada, seca, salinidade, baixo oxigénio, alta velocidade do vento e radiações UV intensas (HASANUZZAMAN et al., 2013). As tensões ambientais são responsáveis pelas diferenças ecotípicas, que surgem ao longo do tempo (SAMBATTI; RICE, 2006).

As diferenças ecotípicas são resultado de seleção disruptiva combinada com o fluxo gênico restrito (GALEN; SHORE; DEYOE, 1991; KAWECKI; EBERT, 2004; MCKAY; LATTA, 2002). Alternativamente, genótipos localmente adaptados podem ser mantidos por seleção (fitness e evolução), apesar do fluxo gênico entre as populações (GONZALO-TURPIN; HAZARD, 2009; SAMBATTI; RICE, 2006). Dessa forma, gradientes altitudinais fornecem um excelente sistema modelo para compreensão dos processos de adaptação e especiação das plantas e para estudar a resposta dessas frente às mudanças climáticas.

2.3 Plasticidade fenotípica

Num clima em rápida mudança, as plantas enfrentam desafios ambientais distintos dos experimentados pelos seus antepassados no passado evolutivo recente. Uma maneira pela qual as plantas responderão a essas mudanças é por meio de mudanças no fenótipo induzidas pelo ambiente (MENDONÇA et al., 2019; PÉREZ-RAMOS et al., 2019). As espécies de plantas podem se ajustar a essas novas condições por meio da plasticidade fenotípica, adaptar-se por meio da seleção natural ou dispersar e se estabelecer em áreas às quais estão adaptadas, sendo que essas opções não são mutuamente exclusivas (CRISPO, 2008; MALHI et al., 2010).

A plasticidade fenotípica é a capacidade de um único genótipo gerar fenótipos alternativos de acordo com a interação com o ambiente (BRADSHAW, 2006). A plasticidade fenotípica é geneticamente controlada, hereditária e de importância potencial para a evolução

das espécies (BRADSHAW, 2006; LANDE, 2009), sendo um mecanismo potencial pelo qual as plantas podem responder rapidamente a mudanças em seu ambiente (NICOTRA et al., 2010). A plasticidade fenotípica pode afetar os aspectos morfológicos, fisiológicos e comportamentais do fenótipo de um organismo, implicando em diferentes custos (GRIME; MACKEY, 2002).

O benefício da plasticidade é a capacidade de produzir uma melhor correspondência fenótipo-ambiente em mais ambientes do que seria possível através da produção de um único fenótipo em todos os ambientes (LEVINS, 2020). No entanto, a plasticidade pode ser desfavorecida em uma variedade de circunstâncias, em alguns casos, resultando em aparente plasticidade mal-adaptativa (SCHEINER, 2013). A plasticidade mal-adaptativa pode ocorrer quando um novo ambiente induz um fenótipo que está mais distante do fenótipo ideal (GHALAMBOR et al., 2007).

A plasticidade deve ser medida a nível de caractere (BINKS et al., 2016; LIU et al., 2022). Nem todo genótipo é plástico para todas as características, e a plasticidade não é infinita, sugerindo compensações, custos e limites para sua expressão (CALLAHAN; DHANOOALAL; UNGERER, 2005). Diferentes autores tem sinalizado a necessidade de se expandir o conhecimento sobre como os organismos percebem, interpretam e respondem às mudanças ambientais e quais genes e vias estão associados à plasticidade (CHEVIN; LANDE; MACE, 2010; CRISPO, 2008; GUO et al., 2020; JUMP; MARCHANT; PEÑUELAS, 2009; LAITINEN; NIKOLOSKI, 2019; PRITZKOW et al., 2020; SCHLICHTING; SMITH, 2002; SOMMER, 2020; VAN KLEUNEN et al., 2007). Embora a investigação nesta área esteja aumentando, muitos estudos ainda precisam ser feitos para uma melhor compreensão.

2.4 Ecofisiologia

O ambiente da planta é determinado por todos os fatores físicos e químicos que caracterizam os habitats, e também pelos efeitos que outros organismos co-ocorrentes induzir

neles. O estudo funcional do comportamento da planta em seu ambiente vinculou a ecologia e a fisiologia em uma nova disciplina, a ecofisiologia (PARDOS, 2005). Ecofisiologistas lidam com questões ecológicas como, os mecanismos que regulam e controlam o crescimento, a reprodução, a sobrevivência, a abundância e a distribuição geográfica das plantas, pois esses processos são afetados por interações de plantas com seu ambiente físico, químico e biótico (LAMBERS; OLIVEIRA, 2019).

Técnicas ecofisiológicas têm uma compreensão bastante avançada da fotossíntese, respiração, relações de água vegetal e respostas vegetais ao estresse abiótico e biótico, das escalas de tempo imediatas e evolutivas (ERGASHOVICH et al., 2021; FERNÁNDEZ-MARÍN et al., 2020). Muitas questões sociais importantes, como agricultura, mudança climática ou conservação da natureza, se beneficiam da aplicação de uma perspectiva ecofisiológica (LAMBERS et al., 2008)

Na ecofisiologia, há vários tipos de análises que podem ser realizadas para entender como as plantas se relacionam com seus ambientes. Alguns exemplos incluem: relacionados com o crescimento (taxa de crescimento absoluto de ramos e taxa de crescimento relativo do caule) (SHU et al., 2019), com a partição de biomassa (área foliar específica, razão da área foliar, fração de massa foliar e fração de massa caulinar) (SUN et al., 2022), com a composição química do tecido foliar (clorofilas, carotenoides, antocianinas, compostos fenólicos e cinzas) (LORENZONI-PASCHOA et al., 2022) e com a eficiência fotossintética (taxa líquida de assimilação de CO₂, clorofilas totais, eficiência quântica potencial do fotossistema II) (WINTER, 2019).

Estes são apenas alguns exemplos de análises mais comuns que podem ser realizadas na ecofisiologia. A abordagem escolhida dependerá do objetivo da pesquisa e das condições ambientais que se deseja estudar. O conhecimento desses padrões e mecanismos ecofisiológicos ajuda a entender o significado funcional de características específicas da planta e sua herança

evolutiva (WANG et al., 2016). Exemplo, uma planta submetida a qualquer tipo de estresse apresenta uma taxa de assimilação de CO₂, entre outras variáveis diferentes de plantas em condições não estressantes (WANG et al., 2016).

Recentemente, as abordagens ômicas (ex. genômica, transcriptômica, proteômica e metabolômica) desempenham um papel significativo na ecofisiologia, pois permitem estudar os efeitos do ambiente sobre um organismo a nível molecular e celular. Como exemplo dessa aplicação, (LI et al., 2020b) foram capazes de mostrar que, sob estresse hídrico, o enriquecimento de CO₂ regulou o conteúdo de fitohormônio e a expressão gênica relacionada com a aquaporina, mantendo a taxa normal de contribuição do transporte de água de célula para célula, e melhorou a biomassa radicular e a condutividade hidráulica, aliviando os efeitos negativos do stress da seca sobre as plântulas de pepino. Outro estudo realizado por (ERMAKOVA et al., 2021) mostraram a expressão de uma aquaporina permeável ao CO₂ aumenta a condutância do mesofilo na espécie C4 *Setaria viridis*. Dessa forma, abordagens ômicas fornecem informações valiosas sobre como os organismos respondem às mudanças no seu ambiente e podem ser utilizadas para melhorar a nossa compreensão dos mecanismos subjacentes aos processos ecofisiológicos.

2.5 Proteômica em plantas

As plantas, sendo sésseis por natureza, estão constantemente expostas a desafios ambientais. Para lidar com pressões ambientais, as plantas desenvolveram uma ampla gama de estratégias de adaptação envolvendo características morfoanatômicas, fisiológicas e bioquímicas (OSAKABE et al., 2014; YU et al., 2022). Uma vez que as proteínas servem como componentes importantes das principais vias de sinalização e bioquímica, estudos em níveis de proteína são essenciais para revelar os mecanismos moleculares subjacentes ao crescimento,

desenvolvimento e interações das plantas com o meio ambiente (LI et al., 2007; RODZIEWICZ et al., 2014).

Nos últimos anos, houve um progresso na compreensão a nível molecular das respostas plantas ao crescimento, desenvolvimento e interações das plantas com o meio ambiente. O número de artigos sobre proteômica publicados aumentou exponencialmente desde que o termo “proteomic” foi cunhado por Marc Wilkins em 1994. Dados apresentados na Figura 1 mostram claramente a evolução do campo. Fazendo uma simples busca no PubMed com a palavra “proteomic” (02 de janeiro de 2023) apareceram 25042 itens. A fim de identificar a quantidade de artigos nas áreas humana, animal e vegetal, foi feita uma busca, separadamente, com as palavras *proteomic*, *human proteomic*, *animal proteomic* e *plant proteomic* (Figura 1). Foi possível observar um total de 17756 para human proteomic, 9861 para animal proteomic e 2179 para plant proteomic. Assim, é possível perceber que o maior número de publicações é com humanos, mas que a área de plantas tem crescido com os anos.

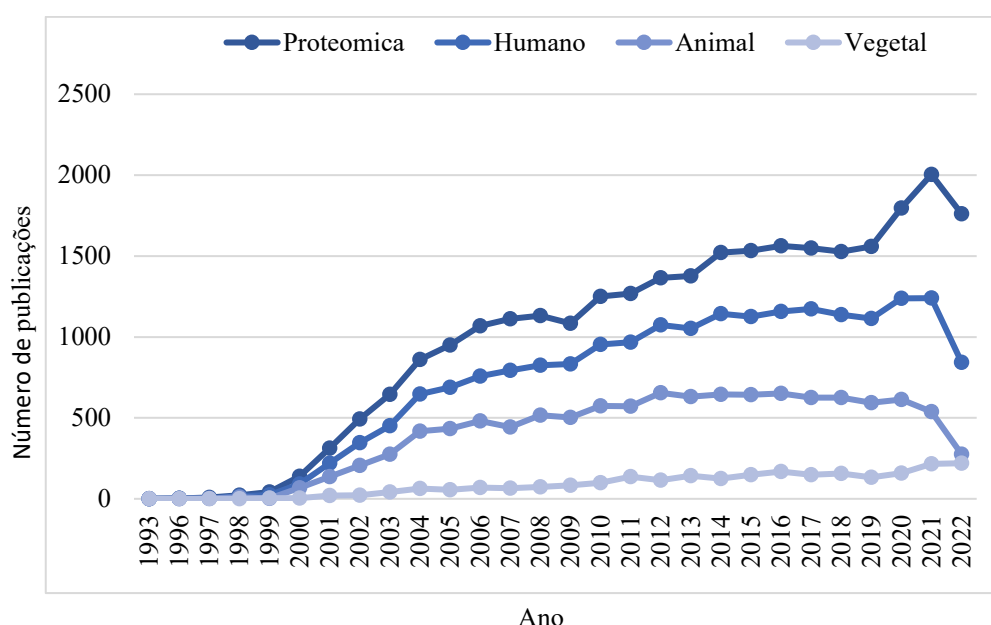


Figura 1. A evolução de artigos publicados entre os anos de 1993 à 2023 sobre proteômica geral, proteômica realizada em humanos, animais e plantas. Busca realizada no PubMed mostrando o número de publicações por ano com as palavras *proteomic*, *human proteomic*, *animal proteomic* e *plant proteomic*. Pesquisa realizada no dia 02/02/2023.

O progresso da proteômica em plantas foi impulsionado pelos dados de sequenciamento de genomas, pelo avanço nas técnicas de espectrometria de massa e a melhoria nas análises de bioinformática. Atualmente, é possível analisar simultaneamente a expressão de milhares de proteínas em diferentes tipos de tecidos e células (CHEN; WECKWERTH, 2020), o que permite uma compreensão mais completa da complexa rede de interações proteicas. Com essas ferramentas, tem sido possível identificar os genes e as proteínas envolvidos nas respostas das plantas a diferentes estresses ambientais (CHONG; HSU; ZHU, 2022), bem como a compreender as interações complexas entre as vias de sinalização que regulam o crescimento e a sobrevivência das plantas (SOARES; GEILFUS; CARPENTIER, 2018).

A proteômica tem sido crucial para o desenvolvimento de novas estratégias para a produção agrícola e a segurança alimentar, incluindo a identificação de proteínas importantes para a nutrição e a defesa contra patógenos (DELAUNOIS et al., 2014; MURATORE; ESPEN; PRINSI, 2021). A proteômica também é importante para a compreensão da biossíntese de compostos secundários importantes em plantas (JACOBS; VAN DER HEIJDEN; VERPOORTE, 2000). Esses avanços têm implicações importantes para o melhoramento genético de plantas mais resistentes e para o desenvolvimento de culturas agrícolas mais eficientes e sustentáveis, bem como para o desenvolvimento de estratégias para proteger as plantas contra condições adversas.

2.6 Proteômica aplicada ao estudo da diversidade genética

A diversidade genética de uma espécie corresponde a qualquer medida que quantifica a magnitude da variação genética dentro de uma população (HUGHES et al., 2008). A diminuição da diversidade genética leva à redução da habilidade das populações se adaptarem às mudanças ambientais (REED; FRANKHAM, 2003), podendo acarretar no declínio ou na extinção de espécies ou de linhagens. No cenário atual de mudanças climáticas globais e de transformações

dos sistemas naturais, devido a atividade humana, mensurar os níveis de diversidade genética de populações é essencial para fornecer informações que possibilitem a tomada de decisões quanto à conservação e uso dos recursos naturais.

A diversidade genética geralmente é avaliada examinando diferenças na sequência de DNA em uma população de indivíduos (ALI et al., 2019; LUO et al., 2019). Entre os diversos tipos de marcadores disponíveis para pesquisas genéticas, destacam-se os marcadores de sequências de DNAm (mitocôndria) (KOPINSKI et al., 2021), sequências de DNAc (cloroplasto) (CONTE et al., 2022), sequências de DNA nuclear (LOUATI et al., 2019), SNPs (polimorfismos de sítios únicos) (ALEMU et al., 2020), Microsatélites (GUNEY et al., 2021), AFLP (amplified fragment length polymorphisms) (ROBERTO et al., 2021) e RAPD (random amplified polymorphic DNA) (KIM et al., 2021).

Estudos tem mostrado o potencial da proteômica para avaliar a diversidade genética. Os estudos químicos, estruturais e funcionais de proteínas podem contribuir com o entendimento acerca das espécies vegetais, seu comportamento evolutivo, suas relações e sobre seus ecossistemas (DIZ; MARTÍNEZ-FERNÁNDEZ; ROLÁN-ALVAREZ, 2012; VOELCKEL; GRUENHEIT; LOCKHART, 2017). A proteômica vem sendo utilizada em estudos filogenéticos (BIRON et al., 2006; BUCKLEY; LAWLESS; RYBCZYNSKI, 2019; CAPPELLINI et al., 2019; HORN et al., 2019; PRIOR et al., 2016; THIELLEMENT et al., 1999; THIELLEMENT; ZIVY; PLOMION, 2002) e populacionais (GALVÁN et al., 2011; SAN-EUFRASIO et al., 2021; SHARMA; DESWAL, 2021; TONSOR et al., 2008). Cabe aqui destacar o estudo de Maltseva et al. (2020) que compararam um dendograma baseado em proteômica com uma árvore filogenética baseada em DNA. No geral, a árvore filogenética baseada em DNA e a árvore de similaridade proteômica tiveram topologias semelhantes.

Tem crescido o número de estudos realizados com populações naturais (SAN-EUFRASIO et al., 2021; SHARMA; DESWAL, 2021; TONSOR et al., 2008). Como as

espécies nativas carecem de informações a cerca do genoma, pesquisadores começaram a investigar o potencial da proteômica comparativa para o estudo da diversificação e adaptação das plantas (DIZ; MARTÍNEZ-FERNÁNDEZ; ROLÁN-ALVAREZ, 2012; LI et al., 2014b; MA et al., 2015b; MIRZAEI et al., 2011). Uma vantagem desse método é que, ao pesquisar muitos loci ao mesmo tempo, eles fornecem um meio para investigar características fisiológicas (PIRO et al., [s.d.]), bem como os determinantes genéticos dessas características (GOENAGA et al., 2015). Por exemplo, a expressão diferencial de proteínas de resposta a alta temperatura entre duas populações pode indicar evolução diferencial desta característica.

Embora a proteômica tenha um enorme potencial, é necessário se atentar a alguns fatores que podem gerar ruídos na análise. Isso inclui o problema de separar os componentes genéticos e ambientais da variação da expressão gênica/proteica (MA et al., 2015b), padronização de protocolos (BELL et al., 2009; GULYÁSSY et al., 2020), estudos sendo amplamente descritivos por natureza (MEHAFFY et al., 2010), tendo que confiar em abordagens baseadas em homologia para organismos não modelo (ROMERO-RODRÍGUEZ et al., 2014), e a incapacidade de elucidar totalmente a base genética de uma característica adaptativa (MACKAY; STONE; AYROLES, 2009).

Mesmo com os desafios, cada vez mais a proteômica está sendo usada para entender a diversificação adaptativa de espécies e populações de plantas. Por exemplo, alterações na acumulação de proteínas associadas à adaptação foram analisadas (TONSOR et al., 2008). A proteômica também foi utilizada para identificação de espécies Maltseva et al. (2020), bem como para entender o mecanismo de resistência ao estresse em populações (SHARMA; DESWAL, 2021).

3. OBJETIVOS

3.1 Objetivo geral

Caracterizar o perfil proteômico e as respostas fisiológicas em plantas de *Myrsine coriacea* germinadas a partir de sementes provenientes de quatro populações naturais da espécie ocorrentes ao longo de um gradiente de altitude da Floresta Atlântica, submetidas a condições de jardim comum.

3.2 Objetivos específicos

- a) Caracterizar e comparar os perfis proteômicos das quatro populações estudadas.
- b) Caracterizar e comparar as variações em características fisiológicas das quatro populações estudadas.

4 MATERIAL E MÉTODOS

4.1 Amostragem

As sementes foram coletadas de populações naturais localizadas em quatro municípios do estado do Espírito Santo (Brasil), ao longo de um gradiente de 1.517 m de altitude (Tabela 1). Foram coletados frutos maduros (novembro de 2017) presentes em quatro ramos de dez matrizes selecionadas em cada uma das populações. Após a coleta, os frutos foram submetidos à escarificação mecânica em peneira de aço e as sementes foram secas à sombra. Posteriormente, as sementes foram imediatamente levadas para o viveiro florestal, localizado em Jerônimo Monteiro-ES. No viveiro, as sementes foram estratificadas em bandejas de polipropileno com capacidade de 19.5 cm³ contendo areia lavada com substrato. Em março de 2018, ocorreu a repicagem das plântulas para tubetes de polipropileno, com capacidade de 280 cm³, contendo substrato comercial (Tropstrato®, HT hortaliças). As mudas foram mantidas durante 12 meses sob telas de poliolefinas (Sombrite®), com retenção de 50% de radiação e

irrigação por microaspersão automatizado com acionamento três vezes ao longo do período diurno. Em março de 2019, as mudas foram transferidas para vasos de três litros contendo como substrato uma proporção de 3:1 de substrato comercial (Tropstrato®, HT hortaliças), solo e areia, onde permaneceram até a montagem dos experimentos em campo.

Tabela 1. Localização das populações naturais (a localidade é designada pelo nome do município) de *Myrsine coriacea* usadas na proteômica e na análise fisiológica.

Código das populações	Localização das populações (Município)	Latitude	Longitude	Altitude (M.S.L)
POP1	Dores do Rio Preto	20°27'27"S	41°48'38"W	2019
POP2	Domingos Martins	20°23'38"S	41°01'36"W	1229
POP3	Mimoso do Sul	20°59'35"S	41°21'08"W	930
POP4	Muqui	20°53'40S	41°20'12"W	657

Em dezembro de 2019, um jardim comum foi estabelecido em uma localidade no estado do Espírito Santo, Brasil (20°25'38.41"/40°51'29.08"), situada a cerca de 914 m de altitude (Figura 2). A escolha desse local para o plantio deve-se ao fato de que é a altitude de maior ocorrência da espécie. A condução do experimento ocorreu no delineamento em blocos casualizados, sendo três blocos contendo quarenta plantas, totalizando 120 plantas. Cada bloco foi formado por cinco linhas contendo oito plantas (duas de cada altitude de origem). Na bordadura foram plantadas mudas de populações variadas. As mudas foram plantadas com espaçamento de dois metros dentro das linhas e três metros entre linhas. O Plantio foi realizado em covas com dimensões 30x30x30 cm, onde foi adicionado 200 g de super fosfato simples 15 dias antes do plantio. Para garantir o pegamento das mudas, após o plantio foram realizadas irrigações regulares com a utilização de regadores manuais. O controle de plantas daninhas foi realizado com capina manual e controle químico com utilização do herbicida Roundup Original®. Sempre que necessário, foi realizado o controle de formigas utilizando o formicida Mirex-SD®.

As plantas que foram submetidas a análises proteômicas e fisiológicas haviam sido plantadas no jardim comum há 7 e 13 meses, respectivamente, e estavam em um estado estéril.



Figura 2. Jardim comum estabelecido no município de Marechal Floriano (Espírito Santo, Brasil) (20°25'38.41"S/40°51'29.08"W) localizado a, aproximadamente, 914 m de altitude.

4.2 Análises proteômicas

4.2.1 Extração e quantificação de proteínas

Para traçar o perfil proteômico das populações foram coletadas três repetições biológicas para cada população, sendo que, cada amostra biológica foi composta de folhas das plantas com sete meses de idade, coletadas de três indivíduos por população em cada bloco. As amostras coletadas no campo foram armazenadas em sacos de papel selados e cobertos com sílica gel. A coleta das folhas começou às 12 h, a temperatura média foi de 25° C, a umidade relativa foi de 57% e a velocidade do vento era de 10 km/h. Posteriormente, as amostras foram embrulhadas em papel alumínio e armazenadas a -80 ° C até a análise proteômica.

As folhas que compunham cada réplica biológica foram maceradas e cerca de 300 mg foi aliquoteado para a extração das proteínas. As proteínas foram extraídas usando o método de precipitação com ácido tricloroacético (TCA)/acetona descrito por (DAMERVAL et al., 1986), com modificações, conforme descrito por (PASSAMANI et al., 2017). A concentração de proteínas foi determinada usando o kit 2-D Quant Kit (GE Healthcare, Piscataway, NJ, EUA).

4.2.2 Digestão de proteínas

Antes da etapa de digestão com tripsina, alíquotas de 100 µg de proteínas foram precipitadas usando a metodologia de metanol/clorofórmio para remover qualquer interferente das amostras (NANJO et al., 2012). Após a precipitação das proteínas, as amostras foram ressuspensas em solução de ureia 7M/tiourea 2M. A digestão triptica de proteínas (V5111; Promega, Madison, WI, USA; razão final 1:100 enzima:proteína) foi realizada usando o método de preparação de amostra auxiliada por filtro (FASP) conforme descrito por (WIŚNIEWSKI et al., 2009) com modificações de (REIS et al., 2021). Os peptídeos resultantes foram quantificados de acordo com o método de proteína e peptídeo a 205nm usando um espectrofotômetro NanoDrop 2000c (Thermo Fisher Scientific, Waltham, EUA).

3.2.3 Análise de espectrometria de massa

O sistema nanoAcquity UPLC conectado a um espectrômetro de massa Synapt G2-Si HDMS (Waters Manchester, UK) foi usada para análise de ESI-LC-MS/MS de acordo com (REIS et al., 2016). As corridas consistiram em três réplicas biológicas de 2,0 µg de peptídeos.

Durante a separação, as amostras foram carregadas na coluna *trap* nanoAcquity UPLC M-Class Symmetry C18 5 µm (100 Å, 5 µm, 180 µm × 20 mm, 2D; Waters) a 5 µL/min por 3 min e depois na coluna de fase reversa analítica nanoAcquity M-Class HSS T3 1.8 µm analytical reversed-phase column (100 Å, 1.8 µm, 75 µm × 150 mm; Waters) a 400 nL/min. A temperatura da coluna foi de 45 °C. Para a eluição do peptídeo, foi utilizado um gradiente

binário: a fase móvel A consistiu de água (Tedia, Fairfield, Ohio, EUA) e 0,1% de ácido fórmico (Sigma-Aldrich) e a fase móvel B de acetonitrila (Sigma-Aldrich) e 0,1% ácido fórmico. A eluição do gradiente foi realizada da seguinte forma: 5% B por 3 min, aumentando de 5 a 41% B até 92,00 min, aumentando de 41 a 97% B até 96,00 min, mantendo-se constante em 97% até 100,00 min, diminuindo para 5% B até 102,00 min.

A espectrometria de massa foi realizada nos modos positivo e de resolução (modo V) com resolução de 35.000 FWHM com mobilidade iônica e no modo de aquisição independente de dados. A velocidade da onda IMS foi definida para 600 m/s; a energia de colisão de transferência foi aumentada de 19 V para 45 V no modo de alta energia; as tensões cone e capilar foram 30 V e 2800 V, respectivamente; e a temperatura da fonte de 80 °C. O fluxo de gás nano ajustado para 0,50 Bar, e o fluxo de gás de purga entre de 145 a 150 L/h. Os parâmetros TOF incluíram um tempo de varredura de 0,5 s no modo contínuo e um intervalo de massa de 50 a 2000 Da. Foi utilizado o [Glu1] -fibrinopeptídeo B humano (Sigma-Aldrich) a 100 fmol/μL como um calibrante externo, e a aquisição de massa de bloqueio foi realizada a cada 30 s. A aquisição do espectro de massa foi realizada pelo Software Masslynx (versão 4.1, Waters).

4.2.4 Análise bioinformática

O processamento espectral e a pesquisa no banco de dados foram realizados usando o ProteinLynx Global Server (PLGS; versão 3.0.2) (Waters) e o software ISOQuant (DISTLER et al., 2014, 2016). O PLGS foi processado usando um limiar de baixa energia de 150 (contagens), limiar de energia elevado de 50 e limiar de intensidade de 750. Além disso, a análise foi realizada usando os seguintes parâmetros: duas clivagens perdidas, fragmento mínimo de íon por peptídeo igual a 3, fragmento mínimo de íon por proteína igual a 7, peptídeo mínimo por proteína igual a 2, modificações fixas de carbamidometil e modificações variáveis de oxidação e fosforil. A taxa de falsa descoberta foi configurada para um máximo de 1%.

Para selecionar o proteoma da espécie mais próxima filogeneticamente de *M. coriacea*, foi construída uma árvore filogenética utilizando o software PhyloT, v2 (LETUNIC; BORK, 2016). O proteoma da espécie *Actinidia chinensis* (ID: UP000241394), disponível no UniProtKB (<https://www.uniprot.org/>), foi utilizado por ser a espécie mais próxima filogeneticamente de *M. coriacea*.

A análise comparativa label-free foi realizada usando o software ISOQuant, (Distler et al. 2014, 2016). Os parâmetros de identificação de proteínas no ISOQuant foram definidos para uma taxa de descoberta falsa de 1%, comprimento de sequência de pelo menos seis resíduos de aminoácidos, e pontuação peptídica mínima igual a seis. A quantificação label-free foi estimada usando a abordagem de quantificação TOP3, seguida pelo processo de normalização multidimensional implementado no ISOQuant (Distler et al. 2014).

Para a análise comparativa, apenas as proteínas presentes ou ausentes (para proteínas únicas) nas três réplicas biológicas foram consideradas para análise diferencial de abundância. As análises comparativas foram realizadas na POP1 em relação às demais. Foram realizadas as seguintes comparações: POP1/POP2; POP1/POP3 e POP1/POP4. Os dados foram analisados pelo teste t de Student (bicaudal). As proteínas com valores de $P < 0.05$ foram consideradas induzidas (up-acumulada) se o Log_2 de *fold change* fosse $> 0,6$ e reprimidas (down-acumulada) se $< -0,667$. A análise funcional foi realizada no software OmicsBox (<https://www.biobam.com/omicsbox/>).

As associações funcionais das proteínas foram preditas usando o software STRING v11.5 (<http://string-db.org>). Para gerar uma rede de interação proteína-proteína (PPI), *Actinidia chinensis* foi considerada a espécie vegetal de referência usando uma pontuação de interação mínima exigida de 0,7.

Para visualizar as relações entre as populações, foi realizado um gráfico do tipo *heatmap* no software R (versão 4.1.1) utilizando o pacote *gplot* e uma Análise dos componentes principais (PCA).

4.3 Parâmetros fisiológicos

Para as análises fisiológicas foram utilizadas duas plantas por população em cada bloco, totalizando 6 repetições biológicas por população. Para a análise de crescimento, a altura da planta foi medida usando uma régua graduada (precisão de 0,1 cm). A altura foi determinada a partir do nível do solo até a gema apical caulinar. A partir dessa medida, foi determinada a taxa de crescimento relativa à altura do caule (RGR_H , mm.mm⁻¹.dia⁻¹), com um intervalo de três meses entre as duas medições.

Para a determinação do índice de clorofilas foram selecionadas 4 folhas completamente expandidas localizadas ao longo da copa e a análise foi realizada através do ClorofiLOG (CFL 1030, Falker, Rio Grande do Sul, BR). Para efeito de análise foi utilizada a média de cada planta. A determinação da condutividade hidráulica foliar (K_{leaf} , mmol m⁻².s⁻¹.MPa⁻¹) foi utilizada uma folha por planta e realizada de acordo com (MARTINS et al., 2019): $K_{leaf} = E^* / (\Psi_w^{pd} - \Psi_w^{pm-dark})$. Onde, E é o fluxo transpiracional e Ψ_w é o potencial hídrico da folha. Para a densidade de venação (VD; mm mm⁻²) foram utilizadas duas folhas por planta e foi de acordo com Pereira et al. (2022).

As análises de trocas gasosas e fluorescência da clorofila a foram realizadas utilizando um analisador de gases por infravermelho (IRGA, Li 6400XT, Li-Cor, Lincoln, EUA) equipado com a câmara foliar 2 cm² (Li 6400-40 LCF, Li-Cor, Lincoln, EUA). As análises da assimilação líquida de CO₂ (A , µmol CO₂ m⁻² s⁻¹), condutância estomática (g_s , mol H₂O m⁻² s⁻¹) e concentração interna de CO₂ (C_i , µmol CO₂ m⁻¹ ar), foram realizadas entre 8:30-10:30 sob

radiação fotossinteticamente ativa saturante de $1.000 \mu\text{mol m}^{-2} \text{s}^{-1}$ pressão parcial de CO_2 de 400 ppm, e temperatura do bloco de 28°C .

Dez folhas foram coletadas para a determinação da área foliar específica (SLA ; $\text{cm}^2 \text{g}^{-1}$) e composição isotópica de carbono ($\delta^{13}\text{C}$; ‰) de acordo com Cavatte et al. (2011). As concentrações totais de Carbono foliar (C) e nitrogênio foliar (N) foram determinadas usando um analisador elementar (Carlo Erba, Milão, Itália), enquanto as composições isotópicas foram determinadas usando um espectrômetro de massa de razão isotópica (IRMS Delta Plus, Finnigan Mat, San Jose, EUA) no Centro de Energia Nuclear na Agricultura da Universidade de São Paulo. As equações propostas por FARQUHAR; EHLERINGER; HUBICK (1989) foram usadas para calcular $\delta^{13}\text{C}$, usando o padrão Vienna Pee Dee Belemnite.

4.3.1 Análise dos dados

Os dados foram analisados considerando um modelo linear com uma fonte de variação (POP [1,...,4]), uma variável por vez (tanto para as variáveis fisiológicas, quanto para as mensurações de isótopos). Posteriormente, as estimativas de médias das populações foram comparadas sobrepondo os intervalos de confiança, onde a falta de sobreposição indicava diferenças significativas entre as médias. Por fim, os resultados foram expostos graficamente com gráfico de barras e seus respectivos intervalos de confiança. Todas as análises foram feitas em linguagem R (R core Team, 2022), usando o pacote::função stats::lm.

5 RESULTADOS

5.1 Análises proteômicas

A análise proteômica identificou 590 proteínas nas amostras de *M. coriacea* das 4 populações incluídas no plantio experimental, sendo que a análise proteômica comparativa entre a POP1 e as demais populações revelou que 170 proteínas foram diferencialmente

acumuladas (DAPs) (Anexo 1). A análise de *heatmap*, utilizando o método de grupo de pares não ponderados com algoritmo de média aritmética (UPGMA) baseado na contagem total de íons das proteínas nas repetições biológicas das POP1, POP2, POP3 e POP4, permitiu visualizar a separação de dois grandes grupos, um com a POP1 e outros com as demais populações. Com essa análise foi possível identificar que a POP1 apresenta um padrão diferente de proteínas, sendo que a maior parte das proteínas apresentam valores de contagem total de íons menores (Figura 3).

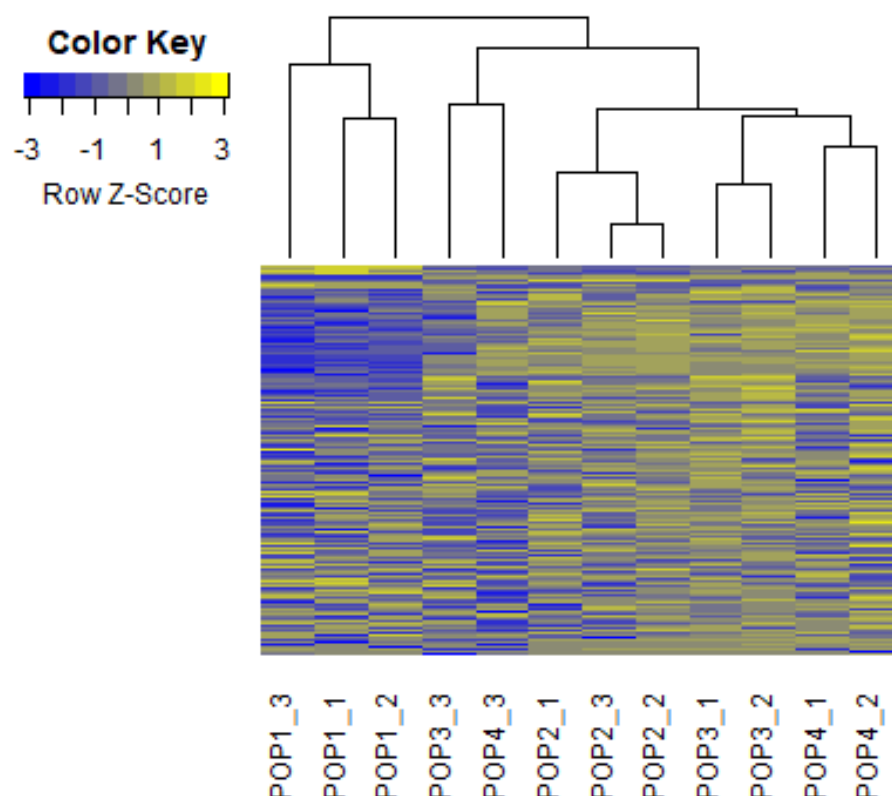


Figura 3. *Heatmap* utilizando o método de grupo de pares não ponderados com algoritmo de média aritmética (UPGMA) baseado na contagem total de íons das proteínas nas repetições biológicas das POP1, POP2, POP3 e POP4. POP1 - Município de Dorés do Rio Preto, localidade Macieira no Parque Nacional do Caparaó; POP2 - Município de Domingos Martins, localidade Parque Estadual Pedra Azul; POP3 - Município de Mimoso do Sul, localidade Pedra dos Pontões; POP4 - Município de Muqui, localidade propriedade rural.

A POP1 se destaca das demais populações estudadas (Figura 4) na análise de componentes principais (PCA). Cada réplica biológica para uma determinada população foi avaliada e sua

relação indicada por uma inclusão de círculo. A análise do PCA permitiu explicar 54,9% da variação total, que deles 37,2% foram explicados pelo componente 1 e 17,7% pelo componente 2.

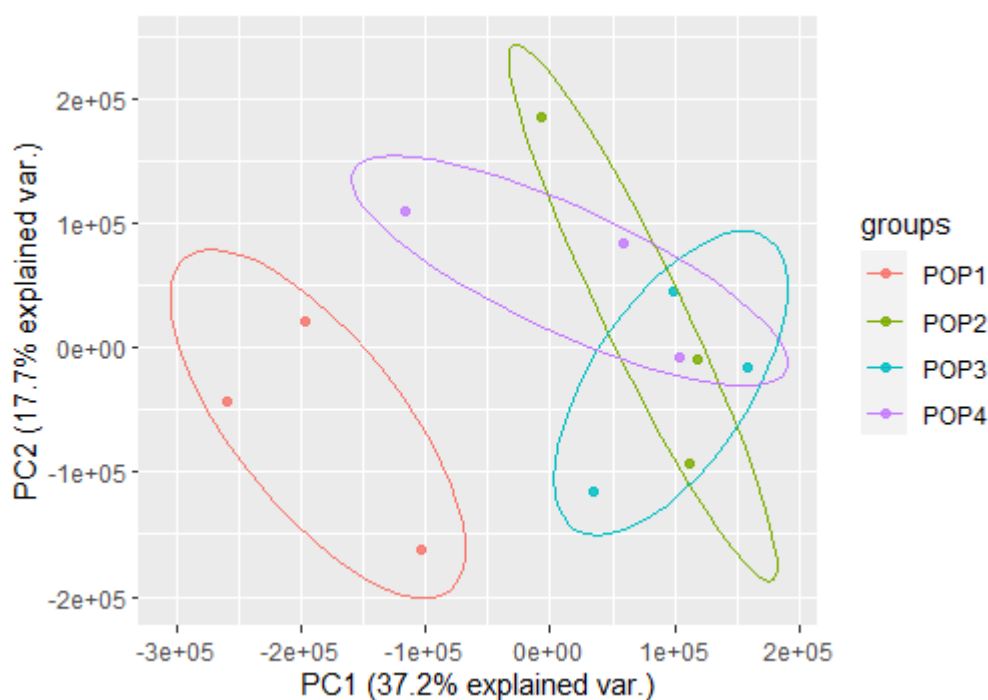


Figura 4. Análise de componentes principais (PCA) mostrando a correlação entre as amostras das populações baseadas nas proteínas identificadas neste estudo.

A análise de ontologia gênica (GO) das DAPs identificadas foi realizada e os processos biológicos mais representativos em todas as populações foram “processo celular”, “processo biossintético”, “resposta ao íon cádmio” e “geração de precursor de metabolitos e energia” , sendo que a maior parte das proteínas estão down-reguladas na POP1 (Figura 5).

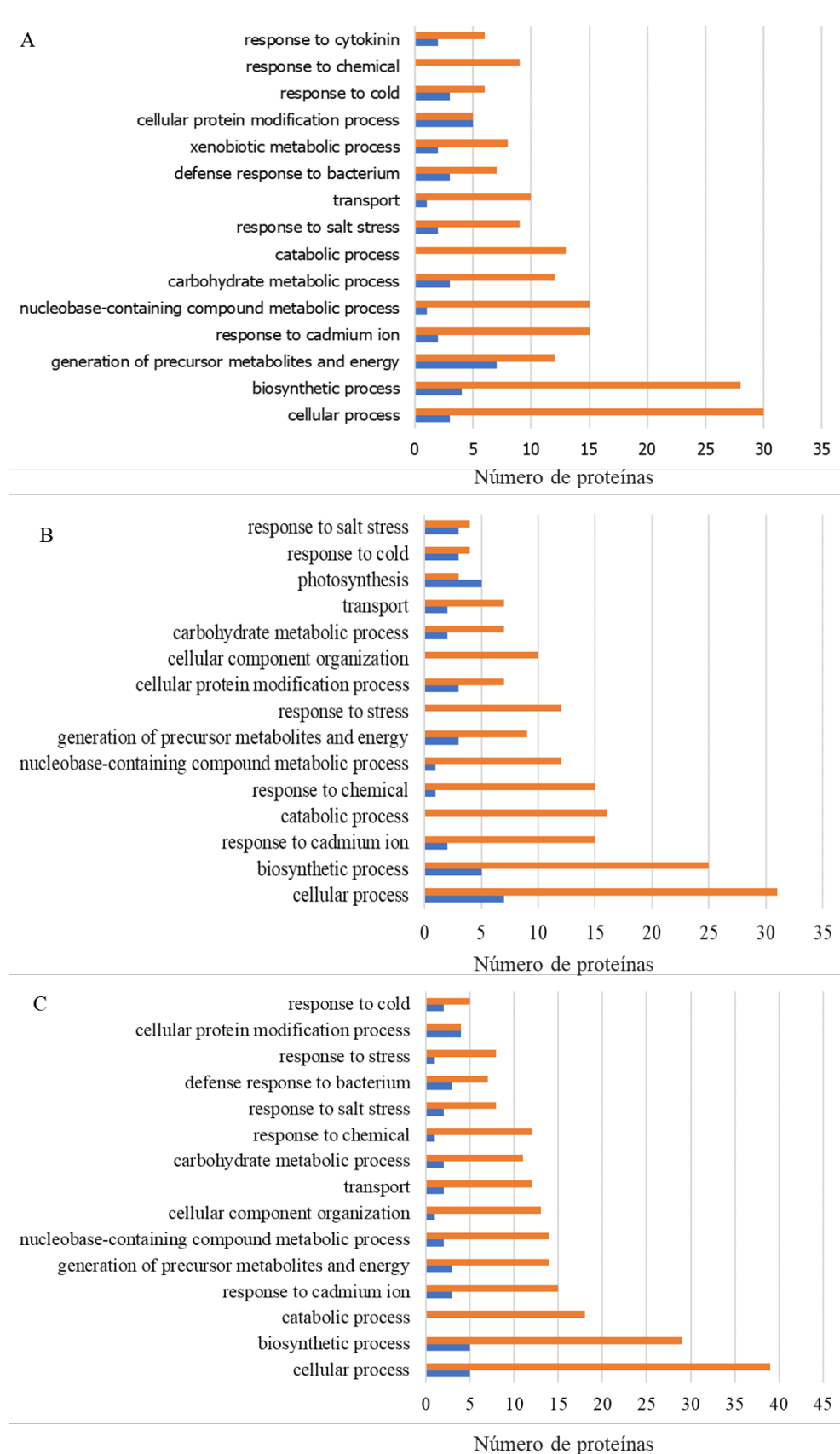


Figura 5. Contagem de ontologia gênica (GO) dos processos biológicos das DAPs identificadas na comparação POP1/POP2 (A), POP1/POP3 (B) e POP1/POP4(C).As barras em azul representam as proteínas up-acumuladas e as barras em laranja representam as proteínas down-acumuladas.

A análise das vias KEGG revelou que a via mais representativa nas três comparações foi “Fixação de carbono em organismos fotossintéticos”, seguido de “glicólise/gliconeogênese” para as comparações POP1/POP2 e POP1/POP3, e “metabolismo de cisteína e metionina” para a comparação POP1/POP4 (Figura 6).

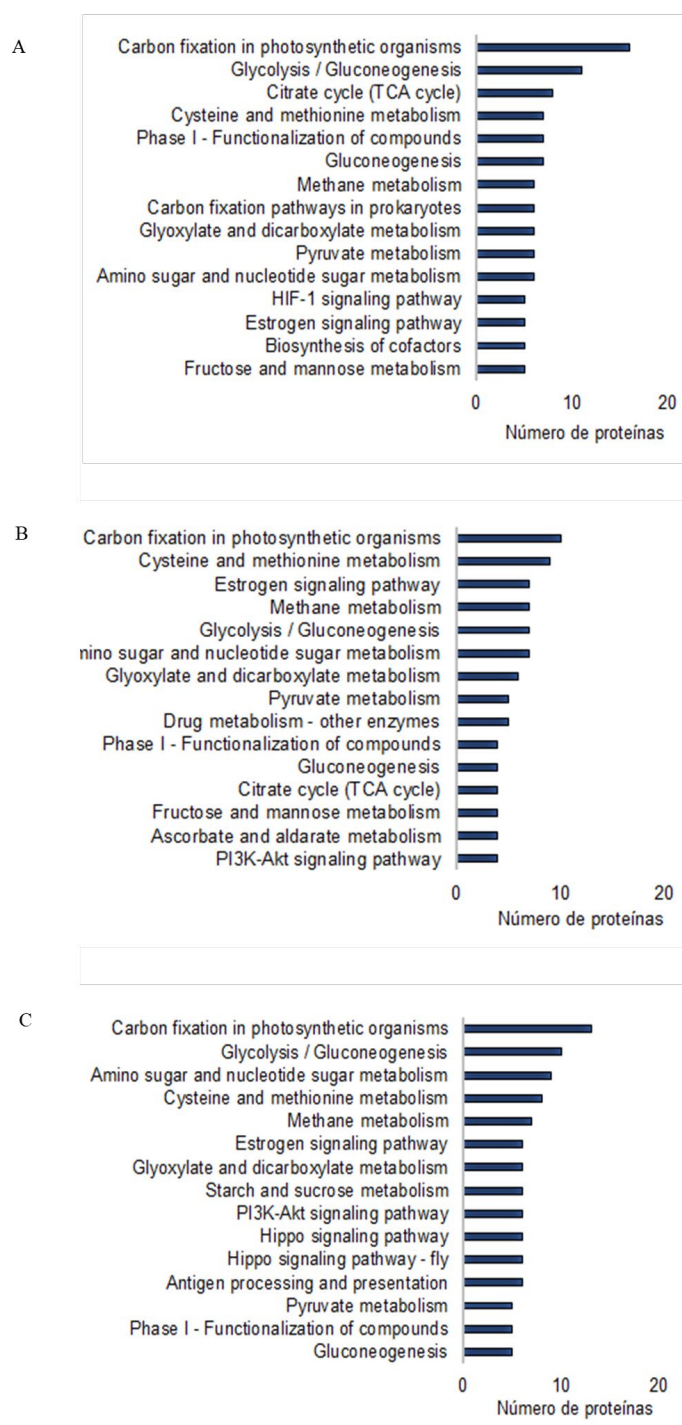


Figura 6. Contagem das vias KEGG das DAPs identificadas na comparação POP1/POP2 (A), POP1/POP3 (B) e POP1/POP4(C).

A análise predita de interação proteína-proteína resultou em interações entre potenciais proteínas-chave envolvidas na regulação diferencial da comparação POP1/POP2 (Figura 7), POP1/POP3 (Figura 8), e POP1/POP4 (Fig. 9). Proteínas citadas nos resultados e na discussão do trabalho estão descritas na Tabela 2 com seu número de acesso, descrição, processo biológico e regulação diferencial.



Figura 7. Rede de interação proteína-proteína (PPI) entre as DAPs na análise proteômica comparativa de POP1/POP2. Os nós vermelhos representam proteínas envolvidas em "carbon fixation in photosynthetic organisms", os nós azuis estão relacionados a "glyoxylate and dicarboxylate metabolism", os verdes claros estão envolvidos em "glycolysis/gluconeogenesis", os amarelos estão relacionados ao "pyruvate metabolism", os verdes escuros representam proteínas envolvidas em "cysteine and methionine metabolism", os nós rosas estão envolvidos em "amino sugar and nucleotide sugar metabolism", e os azuis claros estão envolvidos em "photosynthesis". As linhas coloridas indicam os vários tipos de evidência de interação (azul escuro: coocorrência; preto: coexpressão; azul claro: evidência de banco de dados; verde: genes vizinhos; rosa: evidência experimental; vermelho: evidência de fusão; amarelo: evidência de mineração de texto; roxo: homologia de proteínas). Setas representam proteínas que serão apresentadas na discussão.

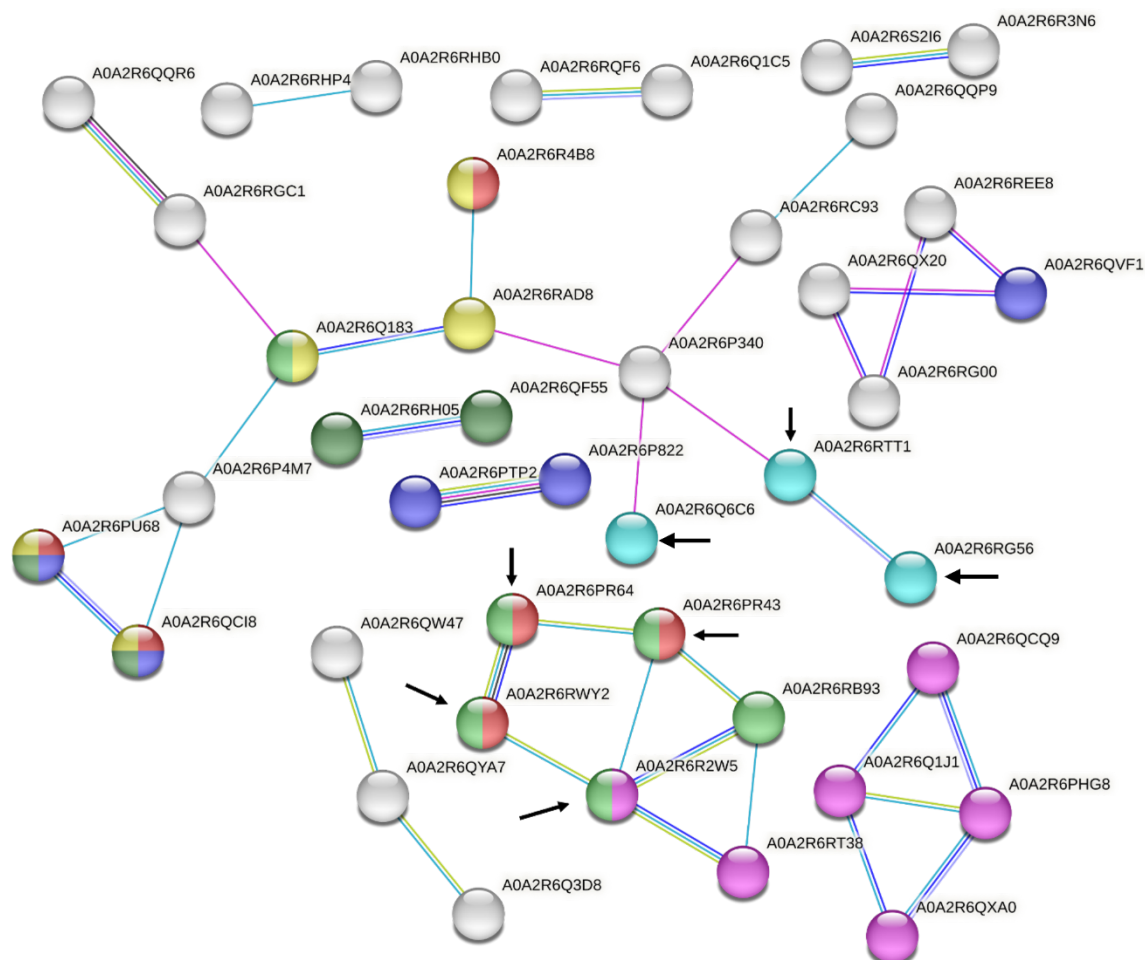


Figura 8. Rede de interação proteína-proteína (PPI) entre as DAPs na análise proteômica comparativa de POP1/POP3. Os nós vermelhos representam proteínas envolvidas em "carbon fixation in photosynthetic organisms", os nós azuis estão relacionados a "glyoxylate and dicarboxylate metabolism", os verdes claros estão envolvidos em "glycolysis/gluconeogenesis", os amarelos estão relacionados ao "pyruvate metabolism", os verdes escuros representam proteínas envolvidas em "cysteine and methionine metabolism", os nós rosas estão envolvidos em "amino sugar and nucleotide sugar metabolism", e os azuis claros estão envolvidos em "photosynthesis". As linhas coloridas indicam os vários tipos de evidência de interação (azul escuro: coocorrência; preto: coexpressão; azul claro: evidência de banco de dados; verde: genes vizinhos; rosa: evidência experimental; vermelho: evidência de fusão; amarelo: evidência de mineração de texto; roxo: homologia de proteínas). Setas representam proteínas que serão apresentadas na discussão.

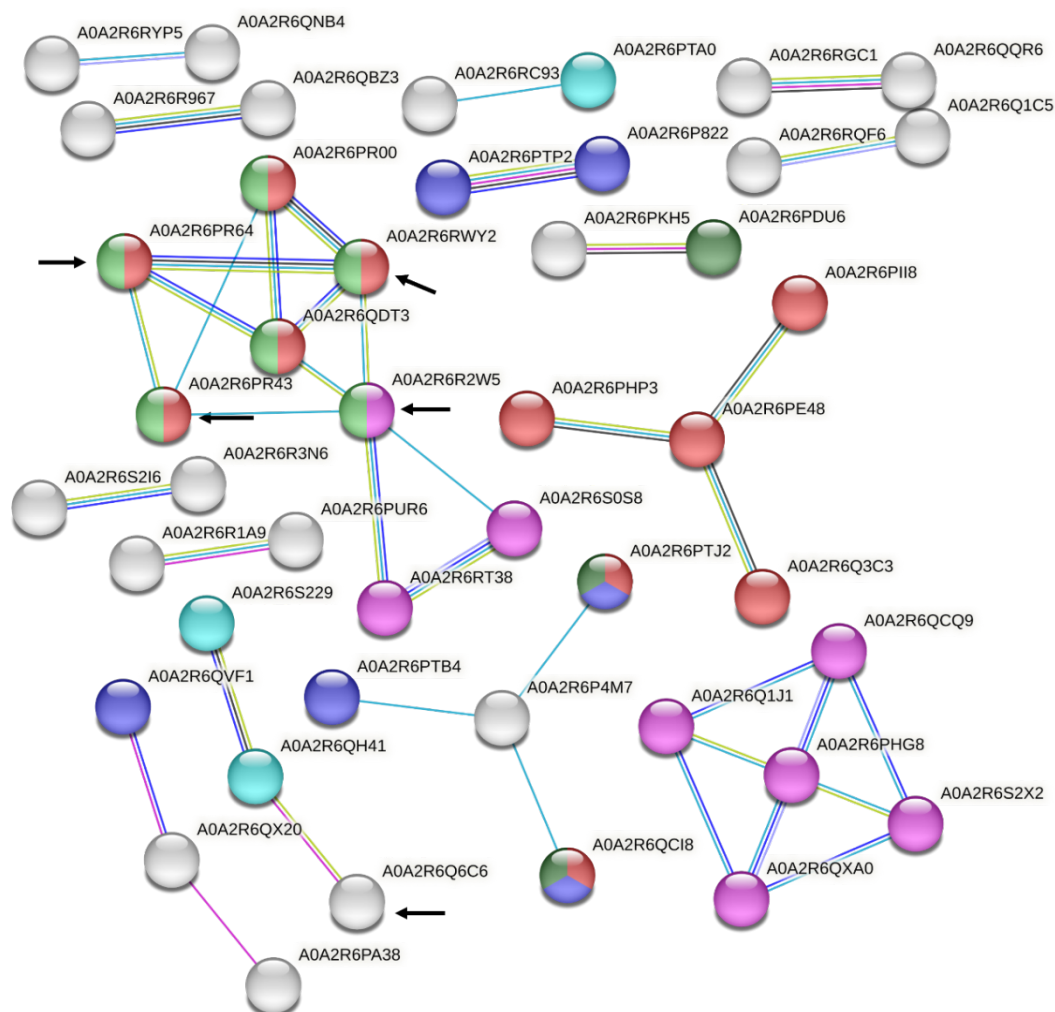


Figura 9. Rede de interação proteína-proteína (PPI) entre as DAPs na análise proteômica comparativa de POP1/POP4. Os nós vermelhos representam proteínas envolvidas em "carbon fixation in photosynthetic organisms", os nós azúis estão relacionados a "glyoxylate and dicarboxylate metabolism", os verdes claros estão envolvidos em "glycolysis/gluconeogenesis", os verdes escuros representam proteínas envolvidas em "cysteine and methionine metabolism", os nós rosas estão envolvidos em "amino sugar and nucleotide sugar metabolism", e os azúis claros estão envolvidos em "photosynthesis". As linhas coloridas indicam os vários tipos de evidência de interação (azul escuro: coocorrência; preto: coexpressão; azul claro: evidência de banco de dados; verde: genes vizinhos; rosa: evidência experimental; vermelho: evidência de fusão; amarelo: evidência de mineração de texto; roxo: homologia de proteínas). Setas representam proteínas que serão apresentadas na discussão.

Interações entre a Triosephosphate isomerase (A0A2R6RWY2), Glucose-6-phosphate isomerase (A0A2R6R2W5), Fructose-bisphosphate aldolase (A0A2R6PR43) e Phosphoglycerate kinase (A0A2R6PR64) foram visualizadas nas comparações entre as populações (Figuras 7, 8 e 9; setas em destaque). Essas proteínas participam das vias de "Carbon fixation in photosynthetic organisms" and "Glycolysis/gluconeogenesis" e estão down-acumuladas na POP1 em comparação com as demais populações. Chlorophyll a-b

binding protein, chloroplastic (A0A2R6Q6C6, A0A2R6RTT1, A0A2R6RG56) também foram evidenciadas na rede de interação, participando da via "photosynthesis-antenna proteins". Essas proteínas estão up-acumuladas na POP1 em comparação com as demais populações (Figuras 7, 8 e 9; setas em destaque).

Foram identificadas também Heat shock protein únicas e up-acumuladas na POP1 em comparação com as demais populações (Anexo 1; Tabela 2).

Tabela 2. Proteínas citadas nos resultados e na discussão do trabalho com seu número de acesso, descrição, processo biológico e regulação diferencial.

Acesso	Descrição	Processo Biológico	Regulação diferencial		
			POP1/POP2	POP1/POP3	POP1/POP4
A0A2R6RWY2	Triosephosphate isomerase	processo glicolítico	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6R2W5	Glucose-6-phosphate isomerase	gluconeogenesis e processo glicolítico	UNCHANGED	DOWN	DOWN
A0A2R6PR43	Fructose-bisphosphate aldolase	processo glicolítico	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6PR64	Phosphoglycerate kinase	processo glicolítico	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6RMB3	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	processo metabólico da glicose	UP	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6Q6C6	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	fotossíntese, captação de luz	UP	UP	UP
A0A2R6RTT1	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	fotossíntese, captação de luz	UP	UP	UNCHANGED
A0A2R6RG56	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	fotossíntese, captação de luz	UP	UP	UNCHANGED
A0A2R6RG00	Heat shock protein like	Resposta ao estresse	UNIQUE POP1	UNIQUE POP1	UNCHANGED
A0A2R6PWY9	Heat shock protein 70 family protein	Resposta ao estresse	UNCHANGED	UP	UNCHANGED

5.2 Parâmetros fisiológicos

A análise dos parâmetros fisiológicos evidenciou diferenças significativas entre as populações (Figuras 10 e 11). O $\delta^{13}C$ (Figura 10A) e C (Figura 10B) foram significativamente diferentes na POP1 em comparação com as demais populações, onde a POP1 mostrou valores

mais altos. A POP1 apresentou os valores mais baixos de N (Figura 10C) e RGR_H (Figura 10D) em relação a POP2 e POP3. Em $Kleaf$ (Figura 10E), A (Figura 10F) e SLA (Figura 11A) também houve diferença estatística entre a POP1 e POP2, com a POP1 mostrando valores mais baixos. Não houve diferença significativa entre todas as quatro populações para g_s , CIT , VD e Ci (Figura 11B, 11C, 11D e 11E). As populações POP2, POP3 e POP4 foram estatisticamente iguais em todas as análises fisiológicas.

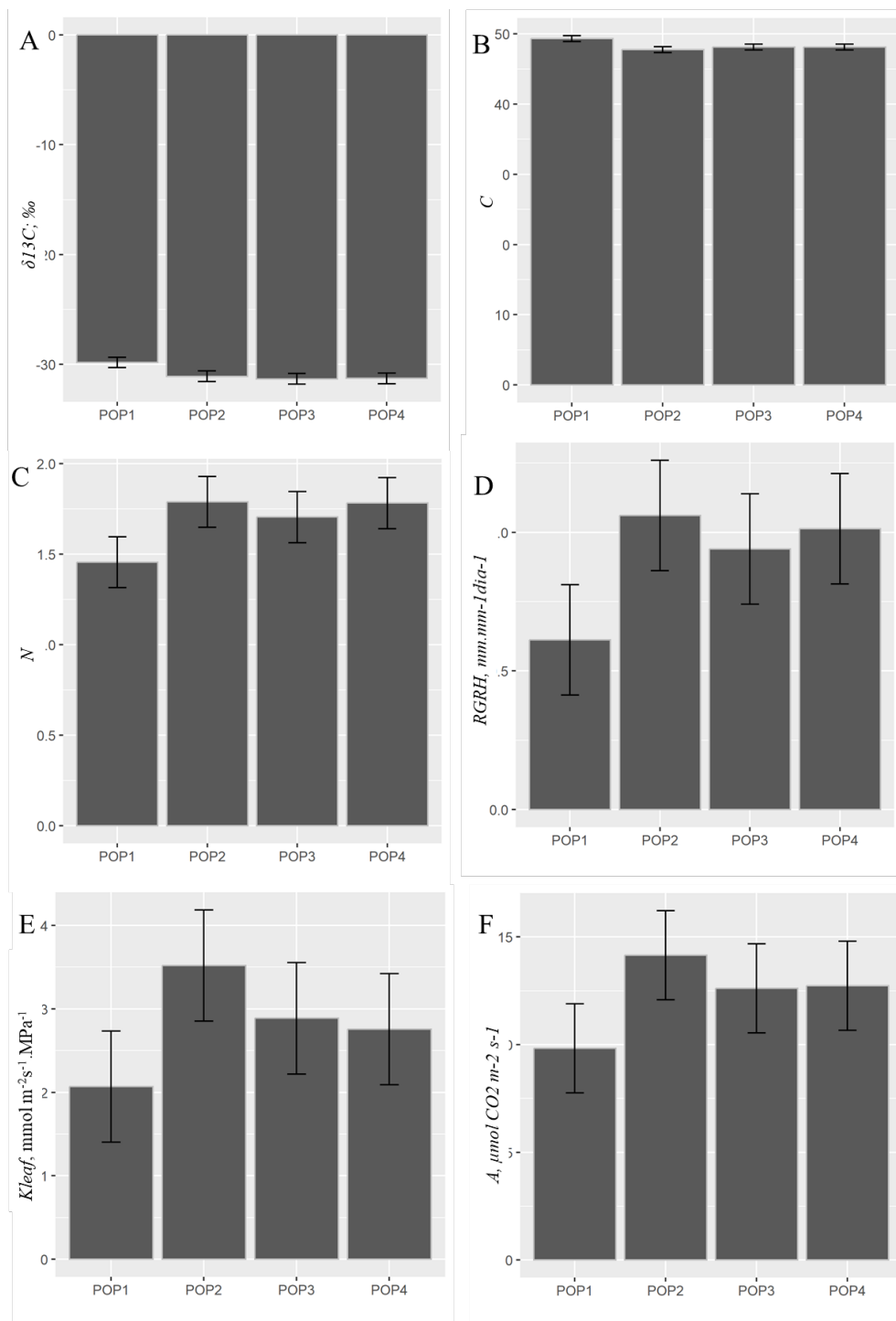


Figura 10. Parâmetros fisiológicos entre as quatro populações de *M. Coriacea*. (A) composição isotópica do carbono foliar ($\delta^{13}C$), (B) carbono foliar (C), (C) Nitrogênio foliar (N), (D) taxa de crescimento relativas à altura do caule (RGR_H), (E) condutividade hidráulica foliar (K_{leaf}), (F) taxa líquida de assimilação de CO₂ (A). POP1 – Município de Dores do Rio Preto; POP2 - Município de Domingos Martins; POP3 - Município de Muqui; POP4 - Município de Mimoso do Sul. As medidas de desvio representam intervalo de confiança. Os gráficos de barras foram gerados no R version 4.2.0 (<https://www.r-project.org/>).

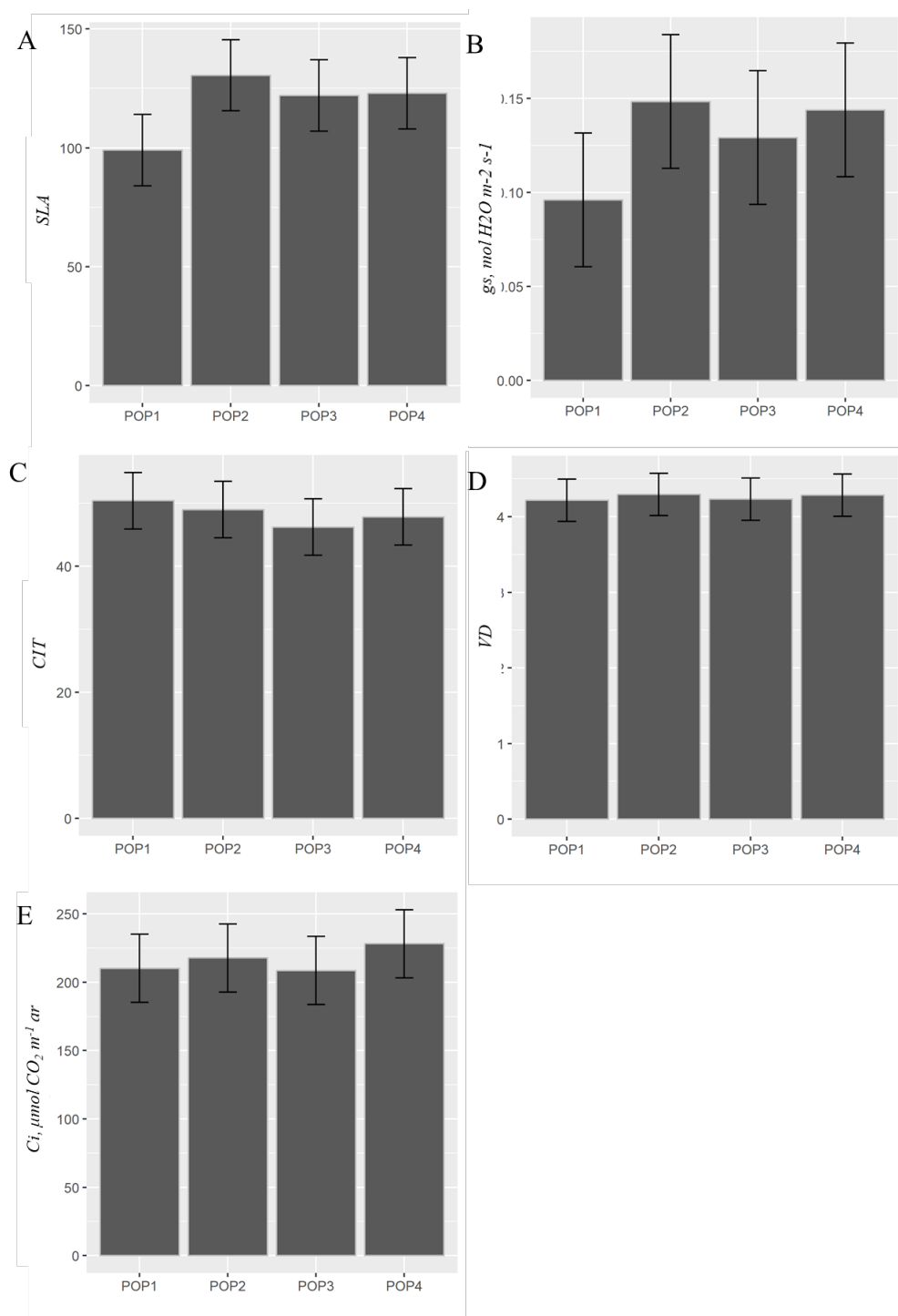


Figura 11. Parâmetros fisiológicos entre as quatro populações de *M. Coriacea*. (A) área foliar específica (SLA), (B) condutância estomática (g_s), (C) clorofilas totais (CIT), (D) densidade de venação (VD), (E) concentração interna de CO_2 (C_i). POP1 – Município de Dorés do Rio Preto; POP2 - Município de Domingos Martins; POP3 - Município de Muqui; POP4 - Município de Mimoso do Sul. As medidas de desvio representam intervalo de confiança. Os gráficos de barras foram gerados no R version 4.2.0 (<https://www.r-project.org/>).

6 DISCUSSÃO

A análise proteômica revelou uma regulação diferencial de proteínas entre as 4 populações provenientes de um gradiente de altitude e submetidas a condição de jardim comum. Baseado no *heatmap* (Figura 3) e PCA (Figura 4) das proteínas identificadas em cada réplica biológica, foi possível separar dois grupos, um contendo as amostras da população de maior altitude (POP1) e outra com as amostras das demais populações. Nossos resultados também revelaram um padrão diferencial para POP1 com base nas análises fisiológicas (Figuras 10 e 11). Essa resposta diferencial da POP1 em relação às outras populações ocorreu quando as plantas foram submetidas à condição comum do jardim. Esses resultados revelam uma possível adaptação local da POP1.

A POP1 foi separada das outras populações, provavelmente, devido às diferenças edafoclimáticas às quais a população está submetida em seu ambiente de origem. De acordo com a última atualização da classificação climática de Köppen e Geiger, feita por Alvares et al. (2013), a região de origem da POP1 possui um clima tropical altitude, localizado a aproximadamente 2019 metros de altitude, e a temperatura pode atingir -4 °C no inverno, enquanto a região de origem das outras populações é classificada em diferentes tipos climáticos, regiões com altitudes mais baixas e temperaturas mais altas. A POP2 e a POP3 possuem um clima temperado quente, enquanto a POP4 possui um clima tropical chuvoso.

Populações naturais de *M. coriacea* deste estudo em seu ambiente nativo, apresentaram diferenças nas características morfológicas e estomáticas em função da altitude, afetando a capacidade fotossintética da espécie em altitudes mais altas (PEREIRA et al., 2022). Indivíduos das populações de maior altitude (1863 e 2174 m) tiveram folhas com maior densidade de venação (*VD*), densidade do tricoma e composição isotópica do carbono foliar ($\delta^{13}C$), mas menor comprimento da célula de guarda, condutância estomática máxima e área foliar específica (*SLA*) do que as outras populações. Em nosso estudo, $\delta^{13}C$ também apresentou

valores mais elevados e *SLA* valores menores na POP1 em comparação com as demais populações na condição de comum de jardim. No entanto, *VD* não apresentou diferença entre as populações. Esses resultados sugerem que a espécie *M. coriacea* é capaz de se adaptar localmente em resposta a condições ambientais específicas, como a altitude, por meio de mudanças em características morfológicas e estomáticas. A população de maior altitude (POP1) pode ter desenvolvido adaptações específicas, como maior densidade de tricomas e $\delta^{13}C$, bem como menor *SLA*, para lidar com as condições de alta altitude. Essas adaptações podem influenciar a capacidade fotossintética da espécie em altitudes mais altas.

A $\delta^{13}C$ é um indicador importante das condições ambientais em que a planta cresceu. A disponibilidade de água no solo e as condições climáticas são fatores que afetam essa composição, sendo que a seca pode levar a uma maior proporção de isótopos pesados de carbono na folha (^{13}C) (VANTYGHM et al., 2022). Isso ocorre porque a planta tende a reduzir a abertura dos estômatos para evitar a perda excessiva de água, o que pode levar a uma menor condutividade hidráulica foliar (*Kleaf*) (JÁKLI et al., 2016). Além disso, a seca pode levar a uma redução na taxa líquida de assimilação de CO_2 (*A*) (FRESNEAU; GHASHGHAIE; CORNIC, 2007) e a uma maior concentração interna de CO_2 (*Ci*) na folha (NUNES; BIERHUIZEN; PLOEGMAN, 1968), indicando uma menor eficiência da fotossíntese em termos de fixação de carbono. Assim, é possível que a POP1 apresente valores mais elevados de $\delta^{13}C$ e de carbono foliar (*C*), indicando que a planta está fechando seus estômatos para reduzir a perda de água, refletindo em uma menor *Kleaf* e uma menor *A*.

A análise da via KEGG indicou que “Carbon fixation in photosynthetic organisms” e “Glycolysis/gluconeogenesis” foram as vias mais representativas no POP1 em comparação com as outras populações, com a maior parte das proteínas down-acumuladas (Tabela 2; Anexo 1). Esses resultados indicam que o POP1, quando submetida à condição de jardim comum, possui uma regulação diferencial de proteínas de vias relacionadas à fotossíntese. A assimilação de

CO₂ é realizada pelo ciclo de Calvin-Benson, que consiste em 11 enzimas e produz carboidratos a partir do CO₂ atmosférico usando NADPH e ATP fornecidos por reações fotoquímicas (CALVIN, 1962). A taxa de assimilação de CO₂ também está intimamente relacionado à produção de sacarose ou amido, que são produtos finais da fotossíntese, ou o reservatório transitório de fotossintatos (MCCLAIN; SHARKEY, 2019; SHARKEY, 1985; STITT; LUNN; USADEL, 2010). A desaceleração no ciclo de Calvin e da fase luminosa da fotossíntese podem causar redução da capacidade fotossintética (ZHANG; CUN; CHEN, 2020).

Um experimento com *Quercus ilex* provenientes de diferentes altitudes e conduzido em estufa com condições controladas, revelou uma diferença proteômica entre as populações, com a população de maior altitude possuindo proteínas down-acumuladas relacionadas ao metabolismo energético (SAN-EUFRASIO et al., 2021). Essa repressão de proteínas envolvidas no metabolismo energético inibiu a fotossíntese nas plantas. No nosso trabalho, foram encontradas proteínas down-acumuladas na POP1, quando comparada com as demais populações, envolvidas no metabolismo energético, como a Triosephosphate isomerase (A0A2R6RWY2), Glucose-6-phosphate isomerase (A0A2R6R2W5), Fructose-bisphosphate aldolase (A0A2R6PR43) e Phosphoglycerate kinase (A0A2R6PR64), que interações previstas de proteína-proteína para as comparações realizadas (Tabela 2; Figuras 7, 8 e 9). Essas proteínas interagem com outras proteínas importantes para o metabolismo energético, como o Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (A0A2R6RMB3) que possui atividade de oxidoreductase, atuando no grupo aldeído ou oxo de doadores, NAD ou NADP como acceptor (LI et al., 2022).

A repressão das proteínas envolvidas no metabolismo energético sugere que a POP1 tenha um rendimento energético diferente das demais populações, consequentemente reduzindo a capacidade fotossintética. Essa hipótese é consistente com nossos resultados das análises fisiológicas nas populações estudadas. As análises fisiológicas revelaram que a POP1

apresentou valores mais altos de C e $\delta^{13}C$ e menor de A e taxa de crescimento relativas à altura do caule (RGR_H). Aumentando a temperatura, a taxa de carboxilação também aumenta e a especificidade da RUBISCO (ribulose-1,5-bisphosphate carboxylase/oxygenase) diminui para CO_2 (BROOKS; FARQUHAR, 1985). Foi demonstrado que as folhas que possuem valores mais altos de $\delta^{13}C$ exibem menores taxas de fotossíntese e condutância estomática do que folhas com valores mais baixos (VITORIA et al., 2016). Assim, a fotossíntese e o crescimento são afetados pela temperatura, o que limita os processos bioquímicos (COOPER; TAITON, 1968).

A assimilação de nitrogênio é um processo altamente exigente em termos de energia (BLOOM; SUKRAPANNA; WARNER, 1992). O nitrogênio, uma vez absorvido, pode ser assimilado na própria raiz ou ser transportado para as folhas, onde, então, ocorre a sua assimilação (LEE et al., 1992). Como a POP1 apresentou a maior parte das proteínas envolvidas no metabolismo energético down-acumuladas, indicando um rendimento energético diferente das demais populações, além de reduzir a capacidade fotossintética, pode estar interferindo na assimilação de nitrogênio, tendo sido observado uma concentração mais baixa de nitrogênio foliar (N) na POP1 (Figura 10C).

O déficit energético é um sintoma primário de plantas sob estresse (BAENA-GONZÁLEZ et al., 2007). Nesse trabalho, foram identificadas *Chlorophyll a-b binding protein chloroplastic* (A0A2R6RG56, A0A2R6RTT1, A0A2R6Q6C6) up-acumuladas. A expressão dos genes das *Chlorophyll a-b binding protein* é afetada pela intensidade da luz, baixa temperatura, alta salinidade, seca e doença (CAFFARRI et al., 2005; HUMBECK; KRUPINSKA, 2003; UMATE, 2010; WANG et al., 2017; XIA et al., 2012). A regulação dos níveis das *Chlorophyll a-b binding protein* permite que os cloroplastos respondam de forma flexível e rápida aos estresses ambientais (LI et al., 2020a). Altera-se a composição de pigmentos para se ajustar a alguma condição ambiental. Quando a planta é levada para um local

de menor irradiação ela produz mais clorofila para absorver a luz, no sentido de absorver mais energia (ARENA et al., 2020). Pela POP1 ter apresentado um acúmulo significativo (up-acumuladas) das *Chlorophyll a-b binding protein*, acreditamos que pode estar relacionado à necessidade das plantas responderem ao estresse ambiental, como menor irradiação e temperatura mais elevada do que seu local de origem.

Foram identificadas também *Heat shock proteins*. Essas proteínas são classificadas como chaperonas moleculares que atuam na manutenção das células danificadas após a exposição ao calor e estão relacionadas a estresse abiótico (HASLBECK; VIERLING, 2015; YANG et al., 2020). Além disso, Tonsor et al. (2008), mostraram que a expressão da proteína *Heat shock protein 101* (Hsp101) é evolutiva em populações naturais de *Arabidopsis thaliana*, onde os níveis de expressão de Hsp101 são mais altos em populações de climas mais frios, quando submetidas a estresse por temperatura, e que Hsp101 é principalmente um mecanismo emergencial de tolerância a alta temperatura. Na POP1, foram encontradas *heat shock proteins* únicas e up-acumuladas (Anexo 1). Esse resultado sugere que, por ser uma população proveniente de altitudes elevadas, a população pode estar respondendo a estresses, como, pressão atmosférica, conteúdo de CO₂, temperatura e disponibilidade de nutrientes, que diminuem com o aumento da altitude, pois o plantio está em uma localidade de menor altitude. É possível, também, que a expressão de *heat shock proteins* passe a ser um fator evolutivo, podendo ser proteínas candidatas envolvidas nas diferenças existentes entre as quatro populações desse estudo.

7 CONCLUSÕES

Foi possível observar que houve uma diferença no perfil proteômico e fisiológico das populações estudadas. A população proveniente de uma altitude mais elevada (POP1) se diferenciou das demais. A POP1 mostrou principalmente proteínas down-acumuladas

envolvidas no metabolismo energético. A repressão da Triosephosphate isomerase (A0A2R6RWY2), Glucose-6-phosphate isomerase (A0A2R6R2W5), Fructose-bisphosphate aldolase (A0A2R6PR43) e Phosphoglycerate kinase (A0A2R6PR64), seguido por concentrações mais baixas de N , A , SLA e RGR_H , e uma concentração maior de $\delta^{13}C$ e C na POP1 sugere que essa população tem uma depressão da capacidade fotossintética, que pode ser causada pela desaceleração do ciclo de Calvin e da fase luminosa da fotossíntese. As *Chlorophyll a-b binding protein* (A0A2R6RG56, A0A2R6RTT1, A0A2R6Q6C6) e heat shock proteins identificadas parecem estar relacionadas a estresse ambiental, podendo apresentar papel chave na regulação da aclimação das populações de *Myrsine coriacea*. Esses resultados indicam adaptação local em características, como, N , A , SLA , RGR_H , $\delta^{13}C$, C e em proteínas relacionadas ao metabolismo energético na POP1. Com base nas diferenças apresentadas pela POP1 em comparação com as outras populações estudadas, sugerimos que as pressões de seleção abiótica no ambiente de alta altitude sejam os principais mecanismos que mantêm a variação proteômica e fisiológica na POP1, mesmo quando submetidos à condição de jardim comum. A compreensão desses mecanismos pode ser importante para entender como as populações de *Myrsine coriacea* respondem às mudanças climáticas e como isso pode afetar sua sobrevivência e diversidade genética.

8. CONSIDERAÇÕES FINAIS

Trabalhos anteriores realizados pelo grupo de estudo (PASCHOA et al., 2018; PEREIRA et al., 2022; SPADETO et al., 2017; VALENTE, 2017) mostraram diferenças em populações nativas de *Myrsine coriacea*, sendo que a população localizada na altitude mais elevada foi a que apresentou diferenças significativas em relação as demais. Assim, o objetivo do presente estudo foi caracterizar e comparar o perfil proteômico e as respostas fisiológicas em plantas de *Myrsine coriacea* germinadas a partir de sementes provenientes de quatro

populações naturais da espécie ocorrentes ao longo de um gradiente de altitude da Floresta Atlântica, submetidas a condições de jardim comum. Foi possível observar que houve uma diferença, no perfil proteômico e fisiológico, da população proveniente de uma altitude mais elevada. Essa população apresentou, principalmente, proteínas down-acumuladas envolvidas no metabolismo energético, seguido de uma concentração mais baixa de *N*, *A*, *SLA* e *RGRH*, e uma concentração maior de $\delta^{13}C$ e *C* na POP1, sugerindo uma depressão da capacidade fotossintética nessa população, quando comparada com as demais populações. Com esses resultados é possível inferir que as pressões de seleção abiótica no ambiente de alta altitude sejam os principais mecanismos que mantêm a variação proteômica e fisiológica na POP1, mesmo quando submetidos à condição de jardim comum.

Esse é o primeiro estudo proteômico com populações naturais de *Myrsine coriacea*. Com ele foi possível evidenciar uma provável adaptação local nas características analisadas. Esse estudo pode ajudar a compreender a variação fenotípica potencialmente adaptativa em plantas na natureza e as estratégias adaptativas e de sobrevivência das populações. Ele também pode auxiliar no entendimento das respostas das plantas às pressões ambientais, frente às mudanças globais. Outra possível contribuição é que ele pode fornecer subsídios para a utilização adequada desta espécie em programas de reflorestamento em áreas específicas. Da mesma forma, contribuirá no estabelecimento de estratégias mais eficientes para a proteção e o manejo sustentável das populações naturais de *M. coriacea*, assim como dos ambientes onde estão inseridas as populações.

Para os próximos passos será feita uma análise proteômica das quatro populações estudadas em outro plantio para identificar proteínas diferencialmente acumuladas em uma região de menor altitude e clima mais quente e se alguma proteína é igualmente diferenciada nos dois plantios. Também serão testados diferentes acessos de *M. coriacea* em uma ampla filogenia para o gênero *Myrsine*. Com isso, será possível conhecer o perfil proteômico e

identificar proteínas diferencialmente acumuladas das populações de *M. coriacea* em diferentes plantios localizados em diferentes fitofisionomias da Floresta Atlântica e as relações filogenéticas do gênero *Myrsine*.

9 REFERÊNCIAS

- ABBHI, V. et al. Anti-inflammatory and analgesic activity of methanolic and hydro-alcoholic extract of *Myrsine africana* L. fruits. **The Natural Products Journal**, v. 6, n. 1, p. 56–61, 2016.
- ABHILASH, M.; TECH, B. Applications of proteomics. **The Internet Journal of Genomics and Proteomics**, v. 4, n. 1, p. 1–11, 2009.
- AHMAD, K. S. et al. Morpho-anatomical and physiological adaptations to high altitude in some Aveneae grasses from Neelum Valley, Western Himalayan Kashmir. **Acta physiologiae plantarum**, v. 38, n. 4, p. 1–14, 2016a.
- AHMAD, K. S. et al. Morpho-anatomical and physiological adaptations to high altitude in some Aveneae grasses from Neelum Valley, Western Himalayan Kashmir. **Acta physiologiae plantarum**, v. 38, n. 4, p. 1–14, 2016b.
- ALBERTO, F. et al. Adaptive responses for seed and leaf phenology in natural populations of sessile oak along an altitudinal gradient. **Journal of Evolutionary Biology**, v. 24, n. 7, p. 1442–1454, 2011.
- ALEMU, A. et al. Genetic diversity and population structure analysis based on the high density SNP markers in Ethiopian durum wheat (*Triticum turgidum* ssp. durum). **BMC Genetics**, v. 21, n. 1, p. 18, 2020.
- ALI, A. et al. Genetic diversity and population structure analysis of *Saccharum* and *Erianthus* genera using microsatellite (SSR) markers. **Scientific Reports**, v. 9, n. 1, p. 395, 2019.
- ALVARES, C. A. et al. Köppen's climate classification map for Brazil. **Meteorologische Zeitschrift**, v. 22, n. 6, p. 711–728, 2013.
- AMARO-LUIS, J. M. et al. Myrsicorianol, a new prenylated benzoic acid derivative from *Myrsine coriacea*. **Natural Product Communications**, v. 3, n. 3, p. 1934578X0800300304, 2008.
- ARENA, M. E. et al. Changes in the leaf nutrient and pigment contents of *Berberis microphylla* G. Forst. in relation to irradiance and fertilization. **Heliyon**, v. 6, n. 1, p. e03264, 2020.
- BAENA-GONZÁLEZ, E. et al. A central integrator of transcription networks in plant stress and energy signalling. **Nature**, v. 448, n. 7156, p. 938–942, 2007.

- BEGNINI, R. M.; DA SILVA, F. R.; CASTELLANI, T. T. Fenologia reprodutiva de *Syagrus romanzoffiana* (Cham.) Glassman (Arecaceae) em Floresta Atlântica no sul do Brasil. **Biotemas**, v. 26, n. 4, p. 53–60, 2013.
- BELL, A. W. et al. A HUPO test sample study reveals common problems in mass spectrometry–based proteomics. **Nature Methods**, v. 6, n. 6, p. 423–430, 2009.
- BINKS, O. et al. Limited acclimation in leaf anatomy to experimental drought in tropical rainforest trees. **Tree Physiology**, v. 36, n. 12, p. 1550–1561, 2016.
- BIRON, D. G. et al. Population proteomics: an emerging discipline to study metapopulation ecology. **Proteomics**, v. 6, n. 6, p. 1712–1715, 2006.
- BLOOM, A. J.; SUKRAPANNA, S. S.; WARNER, R. L. Root respiration associated with ammonium and nitrate absorption and assimilation by barley. **Plant Physiology**, v. 99, n. 4, p. 1294–1301, 1992.
- BRADSHAW, A. D. Unravelling phenotypic plasticity–why should we bother? **New Phytologist**, v. 170, n. 4, p. 644–648, 2006.
- BROOKS, A.; FARQUHAR, G. D. Effect of temperature on the CO₂/O₂ specificity of ribulose-1, 5-bisphosphate carboxylase/oxygenase and the rate of respiration in the light. **Planta**, v. 165, n. 3, p. 397–406, 1985.
- BUCKLEY, M.; LAWLESS, C.; RYBCZYNSKI, N. Collagen sequence analysis of fossil camels, Camelops and cf Paracamelus, from the Arctic and sub-Arctic of Plio-Pleistocene North America. **Journal of proteomics**, v. 194, p. 218–225, 2019.
- BYARS, S. G.; PAPST, W.; HOFFMANN, A. A. Local adaptation and cogradient selection in the alpine plant, *Poa hiemata*, along a narrow altitudinal gradient. **Evolution: International Journal of Organic Evolution**, v. 61, n. 12, p. 2925–2941, 2007a.
- BYARS, S. G.; PAPST, W.; HOFFMANN, A. A. Local adaptation and cogradient selection in the alpine plant, *Poa hiemata*, along a narrow altitudinal gradient. **Evolution: International Journal of Organic Evolution**, v. 61, n. 12, p. 2925–2941, 2007b.
- CAFFARRI, S. et al. Differential accumulation of Lhcb gene products in thylakoid membranes of *Zea mays* plants grown under contrasting light and temperature conditions. **Proteomics**, v. 5, n. 3, p. 758–768, 2005.
- CALLAHAN, H. S.; DHANOOALAL, N.; UNGERER, M. C. Plasticity genes and plasticity costs: a new approach using an Arabidopsis recombinant inbred population. **New Phytologist**, v. 166, n. 1, p. 129–140, 2005.
- CALVIN, M. The Path of Carbon in Photosynthesis: The carbon cycle is a tool for exploring chemical biodynamics and the mechanism of quantum conversion. **Science**, v. 135, n. 3507, p. 879–889, 1962.

- CAPPELLINI, E. et al. Early Pleistocene enamel proteome from Dmanisi resolves *Stephanorhinus* phylogeny. **Nature**, v. 574, n. 7776, p. 103–107, 2019.
- CARRIJO, T. T. et al. Flora do Espírito Santo: Primulaceae. **Rodriguésia**, v. 68, p. 1829–1856, 2017.
- CAVATTE, P. C. et al. Could shading reduce the negative impacts of drought on coffee? A morphophysiological analysis. **Physiologia plantarum**, v. 144, n. 2, p. 111–122, 2011.
- CHEN, B. et al. The impact of climate change and anthropogenic activities on alpine grassland over the Qinghai-Tibet Plateau. **Agricultural and Forest Meteorology**, v. 189, p. 11–18, 2014.
- CHEN, Y.; WECKWERTH, W. Mass Spectrometry Untangles Plant Membrane Protein Signaling Networks. **Trends in Plant Science**, v. 25, n. 9, p. 930–944, 2020.
- CHEVALIER, F. et al. Proteomic investigation of natural variation between *Arabidopsis* ecotypes. **Proteomics**, v. 4, n. 5, p. 1372–1381, 2004.
- CHEVIN, L.-M.; LANDE, R.; MACE, G. M. Adaptation, plasticity, and extinction in a changing environment: towards a predictive theory. **PLoS biology**, v. 8, n. 4, p. e1000357, 2010.
- CHONG, L.; HSU, C.-C.; ZHU, Y. Advances in mass spectrometry-based phosphoproteomics for elucidating abscisic acid signaling and plant responses to abiotic stress. **Journal of Experimental Botany**, v. 73, n. 19, p. 6547–6557, 2 nov. 2022.
- CLAUSEN, J.; KECK, D. D.; HIESEY, W. M. Experimental studies on the nature of species. I. Effect of varied environments on western North American plants. **Experimental studies on the nature of species. I. Effect of varied environments on western North American plants.**, n. 520, 1940a.
- CLAUSEN, J.; KECK, D. D.; HIESEY, W. M. Experimental studies on the nature of species. I. Effect of varied environments on western North American plants. **Experimental studies on the nature of species. I. Effect of varied environments on western North American plants.**, n. 520, 1940b.
- CONTE, L. et al. A littoral grass growing inland: genetic diversity of *Puccinellia fasciculata* around mud volcanoes in Italy. **Plant Biosystems - An International Journal Dealing with all Aspects of Plant Biology**, v. 156, n. 1, p. 203–216, 2 jan. 2022.
- COOPER, J. P.; TAITON, N. M. **Light and temperature requirements for the growth of tropical and temperate grasses.** [s.l.: s.n.].
- CRISPO, E. Modifying effects of phenotypic plasticity on interactions among natural selection, adaptation and gene flow. **Journal of evolutionary biology**, v. 21, n. 6, p. 1460–1469, 2008.

DAMERVAL, C. et al. Technical improvements in two-dimensional electrophoresis increase the level of genetic variation detected in wheat-seedling proteins.

Electrophoresis, v. 7, n. 1, p. 52–54, 1986.

DE SOUZA LORENZONI-PASCHOA, L. et al. Climate change and the ecophysiology of *Bertholletia excelsa* seedlings. **Plant Growth Regulation**, v. 98, n. 1, p. 155–165, 2022.

DE VILLEMEREUIL, P. et al. Common garden experiments in the genomic era: new perspectives and opportunities. **Heredity**, v. 116, n. 3, p. 249–254, 2016.

DEFAVERI, J.; MERILÄ, J. Local adaptation to salinity in the three-spined stickleback? **Journal of Evolutionary Biology**, v. 27, n. 2, p. 290–302, 2014.

DELAUNOIS, B. et al. Uncovering plant-pathogen crosstalk through apoplastic proteomic studies. **Frontiers in plant science**, v. 5, p. 249, 2014.

DISTLER, U. et al. Drift time-specific collision energies enable deep-coverage data-independent acquisition proteomics. **Nature methods**, v. 11, n. 2, p. 167–170, 2014.

DISTLER, U. et al. Label-free quantification in ion mobility-enhanced data-independent acquisition proteomics. **Nature protocols**, v. 11, n. 4, p. 795–812, 2016.

DIZ, A. P.; MARTÍNEZ-FERNÁNDEZ, M.; ROLÁN-ALVAREZ, E. Proteomics in evolutionary ecology: linking the genotype with the phenotype. **Molecular ecology**, v. 21, n. 5, p. 1060–1080, 2012.

DIZ, A. P.; MARTÍNEZ-FERNÁNDEZ, M.; ROLÁN-ALVAREZ, E. Proteomics in evolutionary ecology: linking the genotype with the phenotype. **Molecular ecology**, v. 21, n. 5, p. 1060–1080, 2012.

DOLKAR, P. et al. Gender differences in phenotypic plasticity and adaptive response of Seabuckthorn (*Hippophae rhamnoides* L.) along an altitudinal gradient in trans-Himalaya. **Journal of Berry Research**, v. 9, n. 1, p. 1–10, 2019.

ERGASHOVICH, K. A. et al. Effects of Abiotic Factors on the Ecophysiology of Cotton Plant. **International Journal of Current Research and Review**, v. 13, n. 4, p. 4–7, 2021.

ERMAKOVA, M. et al. Expression of a CO₂-permeable aquaporin enhances mesophyll conductance in the C₄ species *Setaria viridis*. **Elife**, v. 10, p. e70095, 2021.

FARQUHAR, G. D.; EHRLINGER, J. R.; HUBICK, K. T. Carbon isotope discrimination and photosynthesis. **Annual review of plant biology**, v. 40, n. 1, p. 503–537, 1989.

FERNÁNDEZ-MARÍN, B. et al. How do vascular plants perform photosynthesis in extreme environments? An integrative ecophysiological and biochemical story. **The Plant Journal**, v. 101, n. 4, p. 979–1000, 2020.

FREITAS, M. DE F. **Myrsine in Lista de Espécies da Flora do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro.**

FREITAS, M. DE F.; KINOSHITA, L. S. Myrsine (Myrsinoideae-Primulaceae) no sudeste e sul do Brasil. **Rodriguésia**, v. 66, p. 167–189, 2015.

FREITAS, M. F. **Myrsine in Flora e Funga do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro.** Disponível em: <<https://floradobrasil.jbrj.gov.br/FB10227>>. Acesso em: 7 fev. 2023.

FRESNEAU, C.; GHASHGHAIE, J.; CORNIC, G. Drought effect on nitrate reductase and sucrose-phosphate synthase activities in wheat (*Triticum durum* L.): role of leaf internal CO₂. **Journal of Experimental Botany**, v. 58, n. 11, p. 2983–2992, 1 ago. 2007.

GALEN, C.; SHORE, J. S.; DEYOE, H. Ecotypic divergence in alpine *Polemonium viscosum*: genetic structure, quantitative variation, and local adaptation. **Evolution**, v. 45, n. 5, p. 1218–1228, 1991.

GALVÁN, J. V. et al. Studies of variability in Holm oak (*Quercus ilex* subsp. *ballota* [Desf.] Samp.) through acorn protein profile analysis. **Journal of proteomics**, v. 74, n. 8, p. 1244–1255, 2011.

GARDEN, M. B. Tropicos. org. Missouri Botanical Garden. <http://www.tropicos.org/>, 2011.

GATHUMA, J. M. et al. Efficacy of *Myrsine africana*, *Albizia anthelmintica* and *Hilderbrandtia sepulosa* herbal remedies against mixed natural sheep helminthosis in Samburu district, Kenya. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 91, n. 1, p. 7–12, 2004.

GHALAMBOR, C. K. et al. Adaptive versus non-adaptive phenotypic plasticity and the potential for contemporary adaptation in new environments. **Functional ecology**, v. 21, n. 3, p. 394–407, 2007.

GITHIORI, J. B. et al. Anthelmintic activity of preparations derived from *Myrsine africana* and *Rapanea melanophloeos* against the nematode parasite, *Haemonchus contortus*, of sheep. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 80, n. 2–3, p. 187–191, 2002.

GONZALO-TURPIN, H.; HAZARD, L. Local adaptation occurs along altitudinal gradient despite the existence of gene flow in the alpine plant species *Festuca eskia*. **Journal of Ecology**, p. 742–751, 2009.

GRATANI, L. Plant phenotypic plasticity in response to environmental factors. **Advances in botany**, v. 2014, 2014.

GRIME, J. P.; MACKEY, J. M. L. The role of plasticity in resource capture by plants. **Evolutionary Ecology**, v. 16, n. 3, p. 299–307, 2002.

- GULYÁSSY, P. et al. Proteomic comparison of different synaptosome preparation procedures. **Amino Acids**, v. 52, n. 11, p. 1529–1543, 2020.
- GUNEY, M. et al. Genetic diversity among some walnut (*Juglans regia* L.) genotypes by SSR markers. **Sustainability**, v. 13, n. 12, p. 6830, 2021.
- GUO, T. et al. Dynamic effects of interacting genes underlying rice flowering-time phenotypic plasticity and global adaptation. **Genome research**, v. 30, n. 5, p. 673–683, 2020.
- GURUNG, P. D. et al. Transcriptome analysis reveals plasticity in gene regulation due to environmental cues in *Primula sikkimensis*, a high altitude plant species. **BMC genomics**, v. 20, n. 1, p. 1–12, 2019.
- GURUNG, P. D.; RATNAM, J.; RAMAKRISHNAN, U. Facilitative interactions among co-flowering *Primula* species mediated by pollinator sharing. **Plant Ecology**, v. 219, n. 10, p. 1159–1168, 2018.
- HASANUZZAMAN, M. et al. Physiological, biochemical, and molecular mechanisms of heat stress tolerance in plants. **International journal of molecular sciences**, v. 14, n. 5, p. 9643–9684, 2013.
- HASLBECK, M.; VIERLING, E. A first line of stress defense: small heat shock proteins and their function in protein homeostasis. **Journal of molecular biology**, v. 427, n. 7, p. 1537–1548, 2015.
- HOFFMANN, A. A.; SGRÒ, C. M. Climate change and evolutionary adaptation. **Nature**, v. 470, n. 7335, p. 479–485, 2011.
- HORN, I. R. et al. Palaeoproteomics of bird bones for taxonomic classification. **Zoological Journal of the Linnean Society**, 2019.
- HOVENDEN, M. J.; BRODRIBB, T. Altitude of origin influences stomatal conductance and therefore maximum assimilation rate in Southern Beech, *Nothofagus cunninghamii*. **Functional Plant Biology**, v. 27, n. 5, p. 451–456, 2000.
- HOVENDEN, M. J.; VANDER SCHOOR, J. K. Nature vs nurture in the leaf morphology of Southern beech, *Nothofagus cunninghamii* (Nothofagaceae). **New Phytologist**, v. 161, n. 2, p. 585–594, 2004a.
- HOVENDEN, M. J.; VANDER SCHOOR, J. K. Nature vs nurture in the leaf morphology of Southern beech, *Nothofagus cunninghamii* (Nothofagaceae). **New Phytologist**, v. 161, n. 2, p. 585–594, 2004b.
- HUGHES, A. R. et al. Ecological consequences of genetic diversity. **Ecology letters**, v. 11, n. 6, p. 609–623, 2008.

- HUMBECK, K.; KRUPINSKA, K. The abundance of minor chlorophyll a/b-binding proteins CP29 and LHCI of barley (*Hordeum vulgare* L.) during leaf senescence is controlled by light. **Journal of Experimental Botany**, v. 54, n. 381, p. 375–383, 2003.
- JACOBS, D. I.; VAN DER HEIJDEN, R.; VERPOORTE, R. Proteomics in plant biotechnology and secondary metabolism research. **Phytochemical Analysis: An International Journal of Plant Chemical and Biochemical Techniques**, v. 11, n. 5, p. 277–287, 2000.
- JÁKLI, B. et al. Adequate supply of potassium improves plant water-use efficiency but not leaf water-use efficiency of spring wheat. **Journal of Plant Nutrition and Soil Science**, v. 179, n. 6, p. 733–745, 2016.
- JESUS, S. DE; MONTEIRO-FILHO, E. L. A. Frugivoria por aves em *Schinus terebinthifolius* (Anacardiaceae) e *Myrsine coriacea* (Myrsinaceae). **Revista Brasileira de Ornitologia**, v. 15, n. 4, p. 585–591, 2007.
- JOHNS, T. et al. Saponins and phenolic content in plant dietary additives of a traditional subsistence community, the Batemi of Ngorongoro District, Tanzania. **Journal of Ethnopharmacology**, v. 66, n. 1, p. 1–10, 1999.
- JUMP, A. S.; MARCHANT, R.; PEÑUELAS, J. Environmental change and the option value of genetic diversity. **Trends in plant science**, v. 14, n. 1, p. 51–58, 2009.
- KAKRANI, H. K.; KAKRANI, V. A. Antifertility and abortifacient activity of *Myrsine africana*. **Fitoterapia**, v. 53, n. 4, p. 99–102, 1982.
- KÄLLERSJÖ, M.; BERGQVIST, G.; ANDERBERG, A. A. Generic realignment in primuloid families of the Ericales sl: a phylogenetic analysis based on DNA sequences from three chloroplast genes and morphology. **American Journal of Botany**, v. 87, n. 9, p. 1325–1341, 2000.
- KAWECKI, T. J.; EBERT, D. Conceptual issues in local adaptation. **Ecology letters**, v. 7, n. 12, p. 1225–1241, 2004.
- KIM, H. et al. Genetic diversity of castor bean (*Ricinus communis* L.) revealed by ISSR and RAPD markers. **Agronomy**, v. 11, n. 3, p. 457, 2021.
- KOPINSKI, P. K. et al. Mitochondrial DNA variation and cancer. **Nature Reviews Cancer**, v. 21, n. 7, p. 431–445, 2021.
- KÖRNER, C. The nutritional status of plants from high altitudes. **Oecologia**, v. 81, n. 3, p. 379–391, 1989.
- KÖRNER, C. The use of 'altitude' in ecological research. **Trends in Ecology & Evolution** 22 (11): 569–574. , 2007.

- KÖRNER, C. The use of 'altitude' in ecological research. **Trends in ecology & evolution**, v. 22, n. 11, p. 569–574, 2007a.
- KÖRNER, C. The use of 'altitude' in ecological research. **Trends in ecology & evolution**, v. 22, n. 11, p. 569–574, 2007b.
- KÖRNER, C.; DIEMER, M. Evidence that Plants from High Altitudes Retain their Greater Photosynthetic Efficiency Under Elevated CO₂. **Functional Ecology**, p. 58–68, 1994.
- LAITINEN, R. A. E.; NIKOLOSKI, Z. Genetic basis of plasticity in plants. **Journal of Experimental Botany**, v. 70, n. 3, p. 739–745, 2019.
- LAMBERS, H. et al. Plant nutrient-acquisition strategies change with soil age. **Trends in Ecology & Evolution**, v. 23, n. 2, p. 95–103, 2008.
- LAMBERS, H.; OLIVEIRA, R. S. Introduction: History, Assumptions, and Approaches. Em: LAMBERS, H.; OLIVEIRA, R. S. (Eds.). **Plant Physiological Ecology**. Cham: Springer International Publishing, 2019. p. 1–10.
- LANDE, R. Adaptation to an extraordinary environment by evolution of phenotypic plasticity and genetic assimilation. **Journal of evolutionary biology**, v. 22, n. 7, p. 1435–1446, 2009.
- LEE, R. B. et al. Nitrogen assimilation and the control of ammonium and nitrate absorption by maize roots. **Journal of Experimental Botany**, v. 43, n. 11, p. 1385–1396, 1992.
- LEITE, A. C. et al. Trypanocidal activity of flavonoids and limonoids isolated from Myrsinaceae and Meliaceae active plant extracts. **Revista Brasileira de Farmacognosia**, v. 20, p. 1–6, 2010.
- LETUNIC, I.; BORK, P. Interactive tree of life (iTOL) v3: an online tool for the display and annotation of phylogenetic and other trees. **Nucleic acids research**, v. 44, n. W1, p. W242–W245, 2016.
- LEVINS, R. Evolution in changing environments. Em: **Evolution in Changing Environments**. [s.l.] Princeton University Press, 2020.
- LI, K. et al. Proteomic analysis of roots growth and metabolic changes under phosphorus deficit in maize (*Zea mays* L.) plants. **Proteomics**, v. 7, n. 9, p. 1501–1512, 2007.
- LI, S. et al. Structural, functional and proteomic differences of proteins extracted from white garlic and Laba garlic. **Food Research International**, v. 155, p. 111047, 2022.
- LI, X. et al. Comparative proteomics analyses of *Kobresia pygmaea* adaptation to environment along an elevational gradient on the central Tibetan Plateau. **PloS one**, v. 9, n. 6, p. e98410, 2014a.

LI, X. et al. Comparative proteomics analyses of *Kobresia pygmaea* adaptation to environment along an elevational gradient on the central Tibetan Plateau. **PloS one**, v. 9, n. 6, p. e98410, 2014b.

LI, X. et al. Genomic and environmental determinants and their interplay underlying phenotypic plasticity. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 115, n. 26, p. 6679–6684, 2018.

LI, X.-W. et al. Cloning and characterization of two chlorophyll A/B binding protein genes and analysis of their gene family in *Camellia sinensis*. **Scientific reports**, v. 10, n. 1, p. 1–9, 2020a.

LI, Y. et al. CO₂ enrichment enhanced drought resistance by regulating growth, hydraulic conductivity and phytohormone contents in the root of cucumber seedlings. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 152, p. 62–71, 2020b.

LIU, Q. et al. Phenotypic Plasticity of *Cunninghamia lanceolata* (Lamb.) Hook. Seedlings in Response to Varied Light Quality Treatments. **Forests**, v. 13, n. 2, p. 201, 2022.

LOPEZ-PEDROUSO, M. et al. Evaluating two-dimensional electrophoresis profiles of the protein phaseolin as markers of genetic differentiation and seed protein quality in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). **Journal of agricultural and food chemistry**, v. 62, n. 29, p. 7200–7208, 2014.

LORENZI, H. Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. 1992.

LORENZI, H. **Árvores Brasileiras. Manual de Identificação e Cultivo de Plantas Arbóreas Nativas do Brasil**. 2^a ed. ed. [s.l: s.n.]. v. 384

LOUATI, M. et al. Genetic, morphological, and biochemical diversity of argan tree (*Argania spinosa* L.)(sapotaceae) in Tunisia. **Plants**, v. 8, n. 9, p. 319, 2019.

LUO, Z. et al. Genetic diversity and population structure of a *Camelina sativa* spring panel. **Frontiers in plant science**, v. 10, p. 184, 2019.

MA, L. et al. Physiological, biochemical and proteomics analysis reveals the adaptation strategies of the alpine plant *Potentilla saundersiana* at altitude gradient of the Northwestern Tibetan Plateau. **Journal of proteomics**, v. 112, p. 63–82, 2015a.

MA, L. et al. Physiological, biochemical and proteomics analysis reveals the adaptation strategies of the alpine plant *Potentilla saundersiana* at altitude gradient of the Northwestern Tibetan Plateau. **Journal of proteomics**, v. 112, p. 63–82, 2015b.

MACKAY, T. F. C.; STONE, E. A.; AYROLES, J. F. The genetics of quantitative traits: challenges and prospects. **Nature Reviews Genetics**, v. 10, n. 8, p. 565–577, 2009.

- MALHI, Y. et al. Introduction: elevation gradients in the tropics: laboratories for ecosystem ecology and global change research. **Global Change Biology**, v. 16, n. 12, p. 3171–3175, 2010.
- MALTSEVA, A. L. et al. Proteomic similarity of the Littorinid snails in the evolutionary context. **PeerJ**, v. 8, p. e8546, 2020.
- MARTINS, S. C. V et al. How do coffee trees deal with severe natural droughts? An analysis of hydraulic, diffusive and biochemical components at the leaf level. **Trees**, v. 33, n. 6, p. 1679–1693, 2019.
- MCCLAIN, A. M.; SHARKEY, T. D. Triose phosphate utilization and beyond: from photosynthesis to end product synthesis. **Journal of Experimental Botany**, v. 70, n. 6, p. 1755–1766, 2019.
- MCKAY, J. K.; LATTA, R. G. Adaptive population divergence: markers, QTL and traits. **Trends in ecology & evolution**, v. 17, n. 6, p. 285–291, 2002.
- MEHAFFY, C. et al. Descriptive proteomic analysis shows protein variability between closely related clinical isolates of *Mycobacterium tuberculosis*. **Proteomics**, v. 10, n. 10, p. 1966–1984, 2010.
- MENDONÇA, A. M. DAS C. et al. Phenotypic Plasticity of *Pimenta pseudocaryophyllus* (Gomes) Landrum Under Different Light Conditions. **Floresta e Ambiente**, v. 26, 2019.
- MIRZAEI, M. et al. Shotgun proteomic profiling of five species of New Zealand *Pachycladon*. **Proteomics**, v. 11, n. 1, p. 166–171, 2011.
- MOUZO, D. et al. Association of patatin-based proteomic distances with potato (*Solanum tuberosum* L.) quality traits. **Journal of agricultural and food chemistry**, v. 66, n. 44, p. 11864–11872, 2018.
- MUNOZ, J.; HECK, A. J. R. From the human genome to the human proteome. **Angewandte Chemie International Edition**, v. 53, n. 41, p. 10864–10866, 2014.
- MURATORE, C.; ESPEN, L.; PRINSI, B. Nitrogen uptake in plants: the plasma membrane root transport systems from a physiological and proteomic perspective. **Plants**, v. 10, n. 4, p. 681, 2021.
- NANJO, Y. et al. Mass spectrometry-based analysis of proteomic changes in the root tips of flooded soybean seedlings. **Journal of proteome research**, v. 11, n. 1, p. 372–385, 2012.
- NICOTRA, A. B. et al. Plant phenotypic plasticity in a changing climate. **Trends in plant science**, v. 15, n. 12, p. 684–692, 2010.

NUNES, M. A.; BIERHUIZEN, J. F.; PLOEGMAN, C. Studies on productivity of coffee: I. Effect of light, temperature and CO₂ concentration on photosynthesis of *Coffea arabica*. **Acta Botanica Neerlandica**, v. 17, n. 2, p. 93–102, 1968.

OSAKABE, Y. et al. ABA control of plant macroelement membrane transport systems in response to water deficit and high salinity. **New Phytologist**, v. 202, n. 1, p. 35–49, 2014.

PARDOS, J. A. Ecophysiology, a meeting point between function and management of forest ecosystems. **Forest Systems**, v. 14, n. 3, p. 277–291, 2005.

PASCHOA, R. P. DA et al. Genetic diversity of populations of the dioecious *Myrsine coriacea* (Primulaceae) in the Atlantic Forest. **Acta Botanica Brasilica**, v. 32, p. 376–385, 2018.

PASCOTTO, M. C. *Rapanea ferruginea* (Ruiz & Pav.) Mez.(Myrsinaceae) como uma importante fonte alimentar para as aves em uma mata de galeria no interior do Estado de São Paulo. **Revista Brasileira de Zoologia**, v. 24, p. 735–741, 2007.

PASSAMANI, L. Z. et al. Salt stress induces changes in the proteomic profile of micropropagated sugarcane shoots. **PLoS One**, v. 12, n. 4, p. e0176076, 2017.

PEREIRA, J. P. et al. Lack of coordination between stomatal and vein traits provides functional benefits to the dioecious tropical tree *Myrsine coriacea*. **Physiologia Plantarum**, p. e13719, 2022.

PÉREZ-RAMOS, I. M. et al. Functional traits and phenotypic plasticity modulate species coexistence across contrasting climatic conditions. **Nature communications**, v. 10, n. 1, p. 1–11, 2019.

PINESCHI, R. B. Aves como dispersores de sete espécies de *Rapanea* (Myrsinaceae) no mato do Itatiaia. 1990.

PIPOLY, J. J. Systematic studies in the genus *Myrsine* L.(Myrsinaceae) in Guayana. **Novon**, v. 1, n. 4, p. 204–210, 1991.

PIRO, A. et al. Physiology and proteomics analyses reveal the response mechanisms of *Rhizophora mucronata* seedlings to prolonged complete submergence. **Plant Biology**, [s.d.].

PITTERMANN, J.; SAGE, R. F. Photosynthetic performance at low temperature of *Bouteloua gracilis* Lag., a high-altitude C₄ grass from the Rocky Mountains, USA. **Plant, Cell & Environment**, v. 23, n. 8, p. 811–823, 2000.

PLUESS, A. R.; STÖCKLIN, J. The importance of population origin and environment on clonal and sexual reproduction in the alpine plant *Geum reptans*. **Functional Ecology**, p. 228–237, 2005.

- PRIOR, P. et al. Genomic and proteomic evidence supporting the division of the plant pathogen *Ralstonia solanacearum* into three species. **BMC genomics**, v. 17, p. 1–11, 2016.
- PRITZKOW, C. et al. Phenotypic plasticity and genetic adaptation of functional traits influences intra-specific variation in hydraulic efficiency and safety. **Tree Physiology**, v. 40, n. 2, p. 215–229, 2020.
- RAHMAN, I. U. et al. Phenological plasticity in *Berberis lycium* Royle along temporal and altitudinal gradients. **Appl. Ecol. Environ. Res**, v. 17, p. 331–341, 2019.
- RAHMAN, I. U. et al. Response of plant physiological attributes to altitudinal gradient: Plant adaptation to temperature variation in the Himalayan region. **Science of The Total Environment**, v. 706, p. 135714, 2020a.
- RAHMAN, I. U. et al. Response of plant physiological attributes to altitudinal gradient: Plant adaptation to temperature variation in the Himalayan region. **Science of The Total Environment**, v. 706, p. 135714, 2020b.
- REED, D. H.; FRANKHAM, R. Correlation between fitness and genetic diversity. **Conservation biology**, v. 17, n. 1, p. 230–237, 2003.
- REIS, R. S. et al. Putrescine induces somatic embryo development and proteomic changes in embryogenic callus of sugarcane. **Journal of proteomics**, v. 130, p. 170–179, 2016.
- REIS, R. S. et al. Pretreatment free of 2,4-dichlorophenoxyacetic acid improves the differentiation of sugarcane somatic embryos by affecting the hormonal balance and the accumulation of reserves. **Plant Cell, Tissue and Organ Culture (PCTOC)**, v. 145, n. 1, p. 101–115, 2021.
- RICKETSON, J. O. N. M.; PIPOLY III, J. J. Nomenclatural notes and a synopsis of the genus *Myrsine* (Myrsinaceae) in Mesoamerica. **SIDA, Contributions to Botany**, p. 579–589, 1997.
- ROBERTO, T. N. et al. Exploring genetic diversity, population structure, and phylogeography in *Paracoccidioides* species using AFLP markers. **Studies in Mycology**, v. 100, p. 100131, 2021.
- RODZIEWICZ, P. et al. Influence of abiotic stresses on plant proteome and metabolome changes. **Acta Physiologiae Plantarum**, v. 36, p. 1–19, 2014.
- ROMERO-RODRÍGUEZ, M. C. et al. Improving the quality of protein identification in non-model species. Characterization of *Quercus ilex* seed and *Pinus radiata* needle proteomes by using SEQUEST and custom databases. **Journal of proteomics**, v. 105, p. 85–91, 2014.

RUHLAND, C. T.; DYSLIN, M. J.; KRENZ, J. D. Wyoming big sagebrush screens ultraviolet radiation more effectively at higher elevations. **Journal of Arid Environments**, v. 96, p. 19–22, 2013.

SAMBATTI, J. B. M.; RICE, K. J. Local adaptation, patterns of selection, and gene flow in the Californian serpentine sunflower (*Helianthus exilis*). **Evolution**, v. 60, n. 4, p. 696–710, 2006.

SÁNCHEZ-TAPIA, A. et al. Environmental and geographical space partitioning between core and peripheral *Myrsine* species (Primulaceae) of the Brazilian Atlantic Forest. **Botanical Journal of the Linnean Society**, v. 187, n. 4, p. 633–652, 2018.

SAN-EUFRASIO, B. et al. Effect and response of *Quercus ilex* subsp. *ballota* [Desf.] Samp. seedlings from three contrasting Andalusian populations to individual and combined *Phytophthora cinnamomi* and drought stresses. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 2021.

SCHEINER, S. M. The genetics of phenotypic plasticity. XII. Temporal and spatial heterogeneity. **Ecology and evolution**, v. 3, n. 13, p. 4596–4609, 2013.

SCHLICHTING, C. D.; SMITH, H. Phenotypic plasticity: linking molecular mechanisms with evolutionary outcomes. **Evolutionary Ecology**, v. 16, n. 3, p. 189–211, 2002.

SHARKEY, T. D. Photosynthesis in intact leaves of C3 plants: physics, physiology and rate limitations. **The Botanical Review**, v. 51, n. 1, p. 53–105, 1985.

SHARMA, B.; DESWAL, R. Comparative proteome profiling of seabuckthorn leaves from low altitude ‘Sikkim’ and high altitude ‘Himachal Pradesh’ Himalayan region hints towards differential stress adaptive responses. **Journal of Proteins and Proteomics**, v. 12, n. 2, p. 125–141, 2021.

SHU, X. et al. Ecophysiological responses of *Jatropha curcas* L. seedlings to simulated acid rain under different soil types. **Ecotoxicology and Environmental Safety**, v. 185, p. 109705, 2019.

SILVEIRA, S. B. et al. Avaliação silvicultural de *Rapanea ferruginea* e *Citharexylum myrianthum* plantadas em pastagens abandonadas. 2013.

SIQUEIRA, J. C. Considerações taxonômicas sobre as espécies do gênero *Rapanea* Aublet (Myrsinaceae) ocorrentes no Rio Grande do Sul. **Pesquisas Botânica**, v. 38, p. 147–156, 1987.

SMITH, L. B.; DOWNS, R. J. **Resumo preliminar das mirsinaceas de Santa Catarina**. [s.l.: s.n.].

SOARES, A. L. C.; GEILFUS, C.-M.; CARPENTIER, S. C. Genotype-specific growth and proteomic responses of maize toward salt stress. **Frontiers in plant science**, v. 9, p. 661, 2018.

SOMMER, R. J. Phenotypic plasticity: from theory and genetics to current and future challenges. **Genetics**, v. 215, n. 1, p. 1–13, 2020.

SPADETO, M. S. et al. The Cornerstone for in Vitro Propagation and Ploidy Stability of Myrsine (Primulaceae) Species. **Cytologia**, v. 82, n. 4, p. 385–390, 2017.

STÅHL, B.; ANDERBERG, A. A. Myrsinaceae. Em: **Flowering Plants· Dicotyledons**. [s.l.] Springer, 2004. p. 266–281.

STEVENS, P. F. (2001 onwards) **ANGIOSPERM PHYLOGENY WEBSITE**, version 14, July [and more or less continuously updated since]. Disponível em: <<http://www.mobot.org/MOBOT/research/APweb/>>. Acesso em: 7 fev. 2023.

STITT, M.; LUNN, J.; USADEL, B. Arabidopsis and primary photosynthetic metabolism—more than the icing on the cake. **The Plant Journal**, v. 61, n. 6, p. 1067–1091, 2010.

SUN, Q. et al. Ecophysiological leaf traits of forty-seven woody species under long-term acclimation in a botanical garden. **Plants**, v. 11, n. 6, p. 725, 2022.

THIELLEMENT, H. et al. Proteomics for genetic and physiological studies in plants. **ELECTROPHORESIS: An International Journal**, v. 20, n. 10, p. 2013–2026, 1999.

THIELLEMENT, H.; ZIVY, M.; PLOMION, C. Combining proteomic and genetic studies in plants. **Journal of chromatography B**, v. 782, n. 1–2, p. 137–149, 2002.

TONSOR, S. J. et al. Heat shock protein 101 effects in *A. thaliana*: genetic variation, fitness and pleiotropy in controlled temperature conditions. **Molecular ecology**, v. 17, n. 6, p. 1614–1626, 2008.

TORÄNG, P. et al. Large-scale adaptive differentiation in the alpine perennial herb *A. rabis alpina*. **New Phytologist**, v. 206, n. 1, p. 459–470, 2015.

TYERS, M.; MANN, M. From genomics to proteomics. **Nature**, v. 422, n. 6928, p. 193–197, 2003.

UMATE, P. Genome-wide analysis of the family of light-harvesting chlorophyll a/b-binding proteins in *Arabidopsis* and rice. **Plant signaling & behavior**, v. 5, n. 12, p. 1537–1542, 2010.

VALENTE, C. S. Diversidade funcional de uma espécie arbórea dioica (*Myrsine coriacea*) em fragmentos de Floresta Atlântica: Efeito do dimorfismo sexual e da fenologia. 2017.

VAN KLEUNEN, M. et al. Selection on phenotypic plasticity of morphological traits in response to flooding and competition in the clonal shore plant *Ranunculus reptans*. **Journal of Evolutionary Biology**, v. 20, n. 6, p. 2126–2137, 2007.

VANTYGHM, M. et al. The potential of stable carbon isotope ratios and leaf temperature as proxies for drought stress in banana under field conditions. **Agricultural Water Management**, v. 260, p. 107247, 2022.

VITORIA, A. P. et al. Using leaf $\delta^{13}\text{C}$ and photosynthetic parameters to understand acclimation to irradiance and leaf age effects during tropical forest regeneration. **Forest Ecology and Management**, v. 379, p. 50–60, 2016.

VOELCKEL, C.; GRUENHEIT, N.; LOCKHART, P. Evolutionary transcriptomics and proteomics: insight into plant adaptation. **Trends in plant science**, v. 22, n. 6, p. 462–471, 2017.

WANG, D. et al. Timing effects of heat-stress on plant ecophysiological characteristics and growth. **Frontiers in Plant Science**, v. 7, p. 1629, 2016.

WANG, Y. et al. Proteomic analysis of *Camellia sinensis* (L.) reveals a synergistic network in the response to drought stress and recovery. **Journal of plant physiology**, v. 219, p. 91–99, 2017.

WINTER, K. Ecophysiology of constitutive and facultative CAM photosynthesis. **Journal of Experimental Botany**, v. 70, n. 22, p. 6495–6508, 29 nov. 2019.

WIŚNIEWSKI, J. R. et al. Universal sample preparation method for proteome analysis. **Nature methods**, v. 6, n. 5, p. 359–362, 2009.

XIA, Y. et al. Allelic variations of a light harvesting chlorophyll a/b-binding protein gene (*Lhcb1*) associated with agronomic traits in barley. **PLoS One**, v. 7, n. 5, p. e37573, 2012.

YANG, R. et al. Overexpression of small heat shock protein *LimHSP16.45* in *Arabidopsis* *hsp17.6II* mutant enhances tolerance to abiotic stresses. **Russian journal of plant physiology**, v. 67, n. 2, p. 231–241, 2020.

YU, Q. et al. Foliar phosphorus allocation and photosynthesis reveal plants' adaptative strategies to phosphorus limitation in tropical forests at different successional stages. **Science of The Total Environment**, v. 846, p. 157456, 2022.

ZAPPI, D. C. et al. Growing knowledge: an overview of seed plant diversity in Brazil. **Rodriguésia**, v. 66, p. 1085–1113, 2015.

ZHANG, J.-Y.; CUN, Z.; CHEN, J.-W. Photosynthetic performance and photosynthesis-related gene expression coordinated in a shade-tolerant species *Panax notoginseng* under nitrogen regimes. **BMC plant biology**, v. 20, n. 1, p. 1–19, 2020.

ANEXO 1

Accession	Description	Normalized Total Ion Count												Teste T				Log2 Fold Change		Differential accumulation			
		POP1_1	POP1_2	POP1_3	POP2_1	POP2_2	POP2_3	POP3_1	POP3_2	POP3_3	POP4_1	POP4_2	POP4_3	POP1/POP2	POP1/POP3	POP1/POP4	POP1/POP2	POP1/POP3	POP1/POP4	POP1/POP2	POP1/POP3	POP1/POP4	
A0A2R6GC6	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	63834,5	86203,43	72163,98	2041,3	27462,53	29118,85	32083,7	28569,81	32469,2	38676,53	41062,91	58184,2	0,00236611	0,00292892	0,035046953	1,530390437	1,254666321	0,68801458	UP	UP	UP	
A0A2R6PH3	Phosphoribulokinase	502816,7	485195,1	384427,5	225158,9	157222	155992,3	217644,2	198847,6	234182,5	192252,3	179652,7	192523,3	0,003046535	0,00328685	0,001788485	1,350063854	1,076734928	1,726759889	UP	UP	UP	
A0A2R6QC43	ADP/ATP translocase	55930,22	62189,45	65599,12	32914,09	37396,58	26837,59	38225,24	24900,39	30855,19	25610,96	30996,95	24329,77	0,002285687	0,003301393	0,000604507	0,919239216	0,967030241	1,18261588	UP	UP	UP	
A0A2R6PI8	Phosphoribulokinase	31476,36	41962,97	25298,7	7837,678	11912,65	12967,52	6027,263	6004,406	5444,841	12136,45	10596,73	9821,508	0,012572767	0,005107394	0,015927552	1,593528251	2,498188689	1,408819463	UP	UP	UP	
A0A2R6P822	Alanine--glyoxylate transaminase	104844,9	81957,87	79794,47	16439,09	25821,84	28273,39	43766,39	61792,78	40543,89	41386,58	41105,84	38378,91	0,001745855	0,018055209	0,003839234	1,918254156	0,867675525	1,141189861	UP	UP	UP	
A0A2R6PGH8	UDP-sulfoquinovose synthase	197049,7	153115,1	141798,4	108181,4	106977,6	83254,18	103632	112315,8	77095,54	81350,47	122631,9	72653,7	0,02066822	0,029070139	0,034754999	0,721239108	0,734135921	0,830560729	UP	UP	UP	
A0A2R6QH41	Photosystem II CP47 reaction center protein (Fragment)	298152,3	297353,7	327117	155489	166928	134642,7	225644,7	183804	254270,3	193373,7	169760	156053,3	0,000337257	0,010949194	0,000782347	1,013358744	0,474058374	0,829486998	UP	UNCHANGED	UP	
A0A2R6PMB2	Ras-related protein RABD2a	89942,14	120667,3	89168,58	53967,28	50111,71	44671,33	86070,63	40580,02	52541,79	53944,57	59507,93	42932,87	0,009328451	0,079276665	0,014019702	1,011001961	0,736615685	0,938789036	UP	UNCHANGED	UP	
A0A2R6S229	Photosystem I (Fragment)	174009	114936,7	181646	90822,67	82454,67	66281,67	101711	67367,67	125240,3	89681	78199	86446	0,025885064	0,094779606	0,027893808	0,974094758	0,677095094	0,887796816	UP	UNCHANGED	UP	
A0A2R6PWE3	Plastid-lipid-associated protein like	114798,6	105398,6	92809,43	57690,56	42150,71	43478,11	54593,56	40538,4	163050	58677,24	31298,15	38126,39	0,002193374	0,665554267	0,004069814	1,126959106	0,27780467	1,288902454	UP	UNCHANGED	UP	
A0A2R6RTT1	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	28944,5	35152,97	26030,19	14503,53	15951,96	13123,69	23391,33	15996,87	16926,89	22458,17	29325,76	100198	0,005261686	0,03386908	0,455753477	1,048330622	0,678448586	-0,753858159	UP	UNCHANGED	UP	
A0A2R6RG56	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	16180,67	24537,81	29746,37	7797,667	9568,772	8207	10863,33	7113,637	14526,42	14880,33	9072,828	15778,76	0,019895727	0,048017725	0,083940488	1,462257439	1,116313318	0,826604904	UP	UP	UNCHANGED	
A0A2R6RMB3	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	270965,5	225617,9	214875,6	135404,9	138137,9	158731,7	176019,5	164801	175034,4	201167	173298,7	167103,8	0,007614184	0,020593186	0,04815276	0,718833015	0,463815323	0,393634472	UP	UNCHANGED	UNCHANGED	
A0A2R6RGT4	Malate dehydrogenase	130737,7	150555,7	112895,7	72117,46	92668,51	92012,31	81883,14	104805,5	89944,21	95779,32	102870,3	82964,14	0,023196769	0,037447067	0,038350062	0,618252214	0,510915277	0,485169646	UP	UNCHANGED	UNCHANGED	
A0A2R6R722	Iso citrate dehydrogenase [NAD] subunit, mitochondrial	42605,67	43511,67	44912,67	32293,67	28253,33	24436,33	34614,67	18069,67	36813,67	29244,67	34144,67	27606,33	0,002909713	0,080665058	0,00300977	0,624645325	0,549969814	0,526027413	UP	UNCHANGED	UNCHANGED	
A0A2R6GK59	Elongation factor G, chloroplastic	68947,23	64249,75	116284,1	33103,06	39931,2	34085,86	58497,74	62976,31	45142,67	52393,6	42566,13	33505,01	0,047226203	0,188800704	0,082352165	1,219700802	0,582397088	0,957557927	UP	UNCHANGED	UNCHANGED	
A0A2R6QX20	Ubiquitin like	0	0	0	15840,62	16980,8	19837,21	22853,35	22579,41	13090,88	25929,55	31458,08	20534,06	-	-	-	-	-	-	Unique POP2	Unique POP4	Unique POP3	
A0A2R6QG69	14-3-3 like protein	0	0	0	18831,27	21327,62	30395,4	13978,22	15572,12	11560,83	10489,45	13610,49	14213,43	-	-	-	-	-	-	Unique POP2	Unique POP4	Unique POP3	
A0A2R6PCQ2	Calmodulin	0	0	0	4033,788	10174,97	20109,35	13106,72	18463,1	5888,726	20020,18	22639,89	12777,96	-	-	-	-	-	-	Unique POP2	Unique POP4	Unique POP3	
A0A2R6PPH6	Glyoxalase-like domain protein	0	0	0	2493,158	4270,176	4116,608	4424,807	5149,718	3751,003	4511,174	4817,251	3882,547	-	-	-	-	-	-	Unique POP2	Unique POP4	Unique POP3	
A0A2R6R1A9	Elongation factor gamma 2 like (Fragment)	0	0	0	16004,56	18640,83	6851,845	7862,752	8552,108	9917	13516,6	18990,64	12976,26	-	-	-	-	-	-	Unique POP2	Unique POP4	Unique POP3	
A0A2R6QXA0	UDP-4-keto-6-deoxy-D-glucose 3,5-epimerase/UDP-4-keto-L-rhamnose 4-keto-reductase	0	0	0	8127,462	3672,247	6970,09	4921,82	5021,833	5013,317	3946	4757,07	8138,423	-	-	-	-	-	-	Unique POP2	Unique POP4	Unique POP3	
A0A2R6PB61	Serine/threonine-protein like	0	0	0	5968,028	5637,462	11896,58	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	Unique POP2	-	-	
A0A2R6RK74	ATP synthase subunit beta	0	0	0	5378,361	4603,917	6267,24	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	Unique POP2	-	-	
A0A2R6P778	Trisecophosphate isomerase	0	0	0	2369,285	2783,559	3063,867	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	Unique POP2	-	-	
A0A2R6Q111	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (Fragment)	1061,956	850,3539	566,9998	0	0	0	0	0	0	0	0	0	-	-	-	-	-	-	Unique POP2	Unique POP1	Unique POP1	
A0A2R6RG00	Heat shock protein like	11450,09	8138,499	11173,65	0	0	0	0	0	0	0	11112,02	16131,83	6795,504	-	-	-	-	-	Unique POP1	Unique POP1	UNCHANGED	
A0A2R6QWQ2	Ras-related protein RABB1c	6654,443	11586	10059,33	0	0	0	9945,328	11645	19346	13960,82	8002,389	33169,54	-	-	-	-	-	-	Unique POP1	UNCHANGED	UNCHANGED	
A0A2R6PDU6	Adenosylhomocysteinase	55587,27	53066,34	80611,19	45113,52	33375,47	26196,98	10443,45	10836,84	11858,47	8275,849	14519,34	10561,15	0,053163946	0,004096554	0,004427901	0,85433808	2,513814804	2,504373455	UNCHANGED	UP	UP	
A0A2R6RQF6	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein	29147,37	35158,5	24073,89	22626,82	21297,82	21155,49	11172,03	12540,9	14255,06	11822,45	13662,28	19205,75	0,074457143	0,007125525	0,019967084	0,441498841	1,218932295	1,059975792	UNCHANGED	UP	UP	
A0A2R6QNB4	Tubulin beta chain	44623,82	42523,85	58745,36	21717,46	27254,34	43175,47	24291,48	37501,41	39991,79	25900,64	35840,3	23991,78	0,005350803	0,019350803	0,033107235	0,662990819	0,519305096	0,766993168	UNCHANGED	UNCHANGED	UP	
A0A2R6S2X2	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase	167451	107622,3	141602,7	121772	81597,23	98760,26	86873,16	91218,06	144751,3	77191,46	82527,79	95078,98	0,0141312637	0,286043922	0,040806231	0,463758981	0,368095239	0,709570099	UNCHANGED	UNCHANGED	UP	
A0A2R6PWY9	Heat shock protein 70 family protein	115043,5	84186,82	123371,2	102190,6	94193,85	101387,3	92061,84	89577,31	71065,67	68181,72	58895,85	917416381	0,349039487	0,029199321	0,07933004	0,188816263	0,703209463	0,830560729	UNCHANGED	UNCHANGED	UP	
A0A2R6RWV1	Actin-97 like	21939,73	21502,11	21717,45	14973,76	15060,74	16654,16	18625,98	23597,03	20371,4	12784,14	15837,6	12480,58	0,000390653	0,589973916	0,001752714	0,480898588	0,057932722	0,664751026	UNCHANGED	UNCHANGED	UP	
A0A2R6GQD8	Monodehydroascorbate reductase	51391,71	70785,63	59814,44	35349,01	25567,66	49523,89	31370,26	45454,79	20634,81	41516,9	49550,81	38841,79	0,055298875	0,037955105	0,055298875	0,720603213	0,873109377	0,508415813	UNCHANGED	UP	UNCHANGED	
A0A2R6RFG7	ATP-AMP phosphotransferase	7903	3164	3033	36040	25190	6438	21502	25941	18781	997	33419,5	3410	0,112134402	0,002723464	0,303434277	-2,262778586	-2,231658991	-1,731630047	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	
A0A2R6GF55	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	13109,82	11299,79	9592,374	18476,97	14630,89	11408,75	17548,84	19879,03	19196,64	15705,08	18754,12	12034,08	0,199297884	0,003573101	0,13032332	-0,388725025	-0,735807793	-0,451403294	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	
A0A2R6RUA2	Thioredoxin reductase	22792,67	19949,33	23752,67	38399,33	29191,33	32895	36637,33	39335	32104,33	24008	32272,33	36296	0,017607935	0,004455374	0,083661315	-0,595679193	-0,700744548	-0,477404792	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	
A0A2R6QCP9	ATP synthase subunit beta	29729,28	28468,6	30861,96	38875,23	32525,34	45930,44	46398,22	47198,28	57632,89	33788,65	31576,69	35057,27	0,074660899	0,004913307	0,074660899	-0,397737525	-0,763891439	-0,17232772	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	
A0A2R6RG74	Tubulin beta chain	73084,17	79895,85	93509,12	119982,5	99202,81	117041,2	115573,6	127497,5	136545,7	107568	128311,1	136091,3	0,027717734	0,006533038	0,015927304	-0,447909308	-0,623020018	-0,593663674	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	
A0A2R6REE8	Ubiquitin like	12627,33	11500,65	11798,98	12721,88	11899,3	13835,23	27141,74	22978,07	19212,14	15900,62	15767,92	7532,273	0,026707653	0,008581882	0,715445637	-0,098157436	-0,948453524	-0,125816908	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	
A0A2R6QU12	Chaperonin like	122190	115538,84	184695,6	197550,6	192479,3	186303,3	251085,6	251205,1	220022,1	195926	202338,8	157432,5	0,082569757	0,014786199	0,165348771	-0,448211366	-0,773932065	-0,392735858	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	
A0A2R6R080	CCT-beta (Fragment)	12895,33	10046	10033	23265	18521,33	11583,67	21204,33	21740	15720	12871	30230	16321,5	0,01626891	0,01626891	0,01626891	-0,69468552	-0,83141005	-0,849665811	UNCHANGED	DOWN	UNCHANGED	
A0A2R6P5N3	Glutamy1 endopeptidase (Fragment)	41877,96	38687	35114,29	51096,27	49333,91	46157,79	50663,7	57927,7	66837,5	54611,7	55591,16	40785,73	0,013262204	0,017111862	0,08486318							

AOA2R6PTA0	ATP synthase gamma chain like	23913,14	23377,07	13442,64	25987,56	36690,62	26098,29	34310,42	32395,76	15316,85	36678,48	34745,81	34490,7	0,130131876	0,363763459	0,012294972	-0,547700526	-0,433552533	-0,802358218	UNCHANGED	UNCHANGED	DOWN
AOA2R6RNM3	14-3-3-like protein	177641,6	374309,7	205721	363395	453700,8	510621,7	417492	435698,2	198593,3	411897	508669,2	457532,3	0,064173392	0,37309665	0,037476125	-0,809302272	-0,473191908	-0,863033089	UNCHANGED	UNCHANGED	DOWN
AOA2R6QWP4	Protein usf1 like	13993,5	19671	283045	14020	33303	39893,5	22975,5	34164,5	17014	29727,5	36043,5	0,306065107	0,408144305	0,034023563	-0,589369273	-0,355291632	-0,699261834	UNCHANGED	UNCHANGED	DOWN	
AOA2R6RPTJ2	Malate dehydrogenase	39088,81	59820,01	40801,76	43916,78	58241,3	70544,79	53713,6	66889,45	43168,54	63777,73	79542,33	76804,95	0,34035801	0,448523524	0,031241801	-0,305768148	-0,655803186	UNCHANGED	UNCHANGED	DOWN	
AOA2R6QB24	Ankyrin repeat domain-containing protein	31887	41221	41792,67	31749	64266	93673,33	69060	87052,67	11254,5	79488,67	83672	92131	0,241967415	0,4909555479	0,000678221	-0,723243781	-0,542629366	-1,151759277	UNCHANGED	UNCHANGED	DOWN
AOA2R6QYB7	14-3-3 protein (Fragment)	4590,825	13859,79	5744,291	6534,666	15050,89	71740,05	11004,79	12609,41	6350,986	15391,1	18434,86	23243,57	0,293573649	0,608718535	0,04166722	-0,840516384	-0,308583589	-1,238017335	UNCHANGED	UNCHANGED	DOWN
AOA2R6QKN9	FAM10 family protein	9811	6945,5	13445,5	23204,5	13911,5	15694	20561,5	23848	27427	31546	17252	22603,5	0,091795689	0,007087731	0,039847419	-0,806167052	-1,250072972	-1,241310294	UNCHANGED	DOWN	DOWN
AOA2R6GRV76	Heat shock protein 70 family protein	25961,64	24575,33	23372,17	45118,33	80448,04	45563,54	48917,35	47941,72	36814,67	57600,46	44296,35	33600,72	0,050669794	0,007286601	0,042373905	-1,211267199	-0,854891327	-0,874441852	UNCHANGED	DOWN	DOWN
AOA2R6RGC1	26S protease regulatory subunit 6A (Fragment)	30414,65	33512,26	29359,04	49419,14	45076,3	38381,16	51585,27	52286,41	41270,42	48399,74	54944,05	44632,96	0,018585855	0,010170352	0,005017568	-0,510355474	-0,637734427	-0,665638952	UNCHANGED	DOWN	DOWN
AOA2R6RPV26	Protein tas like	19493,33	24243	6384	53447,67	38521,33	24051,33	52866,67	34689	54250	40030,33	35647	47272,5	0,093610052	0,020842374	0,018491258	-1,210909755	-1,50047727	-1,594601865	UNCHANGED	DOWN	DOWN
AOA2R6QB11	Phenylalanine ammonia-lyase	1412,327	1977,867	486,1259	4519,868	8597,167	15880,09	4483,254	7018,277	3841,575	9066,791	8878,598	14226,64	0,066848439	0,022832346	0,006407455	-2,903150369	-1,984831106	-0,305304754	UNCHANGED	DOWN	DOWN
AOA2R6QV91	1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase	5761	13279	18234	21168	25331	39122	23606	27483,5	29979	38169	24907,5	38188,5	0,068977558	0,023072207	0,020311454	-1,199795038	-1,120971801	-1,441894072	UNCHANGED	DOWN	DOWN
AOA2R6RV78	Ras-related protein like	8267,564	17643,43	12658,18	18971,38	23151,27	29345,07	27287,24	30504,91	20980,84	24040,63	28466,46	23986,07	0,053726047	0,026246775	0,014938439	-0,889843279	-1,030252661	-0,987882311	UNCHANGED	DOWN	DOWN
AOA2R6RH05	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	5709,826	7389,969	4584,713	8587,44	9677,606	13599,49	10063,08	11923,6	8493,827	9860,749	12552,81	10484,13	0,052019359	0,02928002	0,011661258	-0,8494657	-0,785400715	-0,895500227	UNCHANGED	DOWN	DOWN
AOA2R6RD29	Tetrapeptide repeat protein	7691,5	12964	9862,5	11958,5	21400	21993	15685,5	18867,5	15100,5	23251	20786,5	18991	0,082560364	0,029617895	0,005286526	-0,858961996	-0,702234997	-1,046343911	UNCHANGED	DOWN	DOWN
AOA2R6R2W5	Glucose-6-phosphate isomerase	19943	20698	15752,67	17235,33	39309	45278	39225,67	36892,67	24975,67	47108	33401,33	47554	0,156382966	0,033267395	0,008146432	-0,848618334	-0,842092321	-1,183252413	UNCHANGED	DOWN	DOWN
AOA2R6RIU5	Ferredoxin-NADP reductase, chloroplastic	273635,8	228713,9	180171	304965,9	352931,4	343364	326653,1	335272,8	30957,9	300057,9	329631,4	320959,8	0,012234943	0,027257016	0,034535186	-0,6038346	-0,506938933	-0,478040032	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RPX58	Phosphorypyruvate hydratase	32204,11	26439,66	21390,66	52627,73	49342,33	45394,32	56675,86	65409,71	35399,64	51652,22	57270,01	9219,91	0,003953504	0,052235041	0,101024231	-0,880698702	-0,976527318	-0,787370361	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QDP9	S-adenosylmethionine synthase	18509,12	13530,75	6871,424	28092,2	29013,42	30485,92	22444,83	29789,04	21331,89	29573,25	38122,16	20395,99	0,009214658	0,054059394	0,055524041	-1,170602864	-0,918845674	-1,178812514	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PYL4	Nucleosylpolyphosphate-associated complex subunit beta	10916	6949,667	6945	14524	14820,67	18524	12829,33	14112,67	10855,67	7447	19562,33	11583	0,014092084	0,05635216	0,029583082	-0,948121121	-0,937438765	-0,637503296	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6S344	Inositol-3-phosphate synthase	12230,5	11170,67	19409,67	30421,33	22077	29847,33	24668,67	23497,33	39361	35406	18132	38520	0,024232878	0,059750824	0,074608123	-0,943716813	-1,031752204	-1,104567181	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PI76	Elongation factor G, chloroplastic	89232,54	62567,92	76193,67	107262,4	132331,1	113714,8	129538,6	139456	90098,95	135948,1	114056	94203,32	0,017800035	0,061207177	0,053634494	-0,631930762	-0,655363104	-0,594928126	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P6P0	Glyoxalase-like domain protein	28042,89	44193,38	48333,31	86325,97	83635,76	115759,6	72135,37	80163,54	50799,37	41837,06	81783,38	54402,64	0,010147156	0,062354694	0,232383854	-1,24474256	-0,752312028	-0,562198375	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PVX1	ATP citrate synthase	48402,27	60143,5	48395,31	106962,3	77717,21	104954,8	68231,25	130128,9	88042,52	60412,55	92900,84	79164,73	0,012360296	0,046079461	0,046079461	-0,880520518	-0,864332768	-0,855552296	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RP982	Eukaryotic-thioredoxin reductase catalytic chain, chloroplastic	9514	15157,5	21399,67	37270,5	39682	49731	40097,33	44882,67	20483,33	41682	28128,33	77843	0,017440129	0,085676195	0,051260939	-1,3512301	-1,139512631	-1,029841339	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PBK2	Eukaryotic porin/Tom40 protein	54358,31	72191,07	50161	114594,3	104732,1	110388	125110,7	108517,9	63036,33	101559,1	96310,15	78907	0,002245609	0,112854441	0,052914713	-0,899830258	-0,747447568	-0,609841645	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q5C7	Eukaryotic-dependent peroxidorexin	74849,33	79717	35172	113488	136016,7	100940	110179,7	115612,7	75137,67	107784	123873	57912,33	0,037263651	0,122429031	0,24364347	-0,885175489	-0,665416757	-0,609897643	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QG08	Acetolactate synthase	12263	16650	15854	26740	42853,5	45475,5	28277	50286	19623	25600	59220,5	22123,5	0,17556057	0,125825627	0,15890178	-1,361991672	-1,133081689	-1,26629636	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RE10	Guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor	7415	12118,5	5460,5	12954,5	19451,5	18438	17363	17450,5	8222,5	16315	30547	17570	0,037994197	0,174185847	0,056952559	-1,024495728	-0,78396162	-1,366195571	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PTH0	Thiamine thiazole synthase, chloroplastic	61780,79	63748,68	41794,56	88176,51	130111,8	96070,69	41036,25	101659,3	41847,12	82179,11	128301,4	81681,91	0,02870909	0,800573527	0,07032641	-0,909768505	-0,141309781	-0,804125954	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RK18	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase	14359	19016,25	11083,57	20636,58	26502,44	23371,57	11391,62	22861,44	13318,67	20201,3	39675,38	31663,03	0,038463802	0,818184851	0,0661847409	-0,665370526	-0,097634694	-1,041928164	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PFR8	Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase	64044,25	21653,74	56810,56	97073,18	78926,91	99676,3	89319,12	19215,11	20640,27	17214,99	82148,64	70672,79	0,038612234	0,875319279	0,096489527	-0,951927283	-0,141722758	-0,692506093	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RHB0	4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase	26175,67	26445,67	21873	37820,33	47940,67	44162,33	47595,67	55897	38531,67	76810,67	66596	29933,33	0,050513879	0,012595326	0,179183208	-0,802457961	-0,930935327	-0,8328283291	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QYAT7	Lithoidal luminal protein	122872,3	99388	104899,3	154887,3	199987,7	145421,3	181852,3	207130	147993,3	174929,3	161326	67570,67	0,021917194	0,019566673	0,493188933	-0,638793676	-0,714861814	-0,310155221	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PU68	Malate dehydrogenase	20396,58	22584,15	16210,81	30599,49	28750,25	29986,11	35704,11	43361,68	29361,41	26027,31	46005,92	24001,3	0,012826355	0,021184131	0,166266625	-0,664747993	-0,873263765	-0,698161985	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q5X5	Serine/threonine-protein phosphatase	34014	27594	24045	44831,5	44585,5	47838	49027,5	43229	38523	65124,5	43107	42658	0,005155612	0,023457626	0,052498285	-0,680283023	-0,610506073	-0,816916733	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PXB6	Elongation factor 1-alpha	53080,33	44426,33	25012,33	116503,3	96780	65805	110326,33	83012,33	39120	79959,33	121621	55324,33	0,036826513	0,033581732	0,10045314	-1,187718043	-1,099084741	-1,068276276	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q7R4	Aspartyl protease family protein	14979,5	13165,5	5529	44476	56716	24759,5	33375	28378,5	19443,5	22626	33331,5	12964,5	0,034342528	0,033898988	0,147585773	-1,903161295	-1,269791322	-1,033329463	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RBQ02	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	21524,31	22803,36	12603,54	64631,53	61275,96	36978,19	50533,18	53379,53	29743,31	52879,49	108145,1	31591,51	0,019037519	0,034302545	0,121103274	-1,516568369	-1,231460176	-1,758438058	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q183	Dihydroipomide acetyltransferase component of pyruvate dehydrogenase complex	134098,1	105008,9	76135,02	224706,3	200233,7	194523,9	231547,5	188024,5	148703,4	190827,7	177633,6	125961,6	0,006074763	0,040024018	0,082532937	-0,974559995	-0,875795548	-0,649283533	DOWN	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q722	Calreticulin	106407,4	106190,9	115619,1	197696,1	161998,2	204391,8	170647,6	180047,2	156332,2	175881,7	170937,9	166316,1	0,004352517	0,064616391	0,000133749	-0,781263891	-0,962693362	-0,654632626	DOWN	UNCHANGED	DOWN
AOA2R6PR00	Phosphoglycerate kinase	30512,32	29714,88	23564,09	55306,4	44913,75	44595,22	42108,51	38322,42	41161,31	64495,57	56018,62	36552	0,008015937	0,006994594	0,037888314	-0,789342564	-0,537214536	-0,70089942	DOWN	UNCHANGED	DOWN
AOA2R6RKA8	Eukaryotic porin																					

A0A2R6PB04	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	46632,82	32255,1	31715,2	146561,5	130961	87369,12	90155,05	90789,93	63533,04	128087,3	176814	105101,3	0,009994889	0,012317382	0,010099432	-1,709090666	-1,130264731	-1,87725551	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6RW3	Chaperonin Cpn10 like	26637,18	20165,75	6205,034	80536,34	88223,88	133756,2	50428,76	86825,58	73753,07	64066,06	87521,44	76781,27	0,009257944	0,012595025	0,002985501	-2,512732261	-1,993012577	-2,107084387	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6QC18	Malate dehydrogenase	105195,5	128375	113562,4	138469,1	185598,5	202871,7	186579,4	190790,2	150746,3	169755,9	175390,7	183658,7	0,042498491	0,013809696	0,001548287	-0,602148697	-0,60536644	-0,607248481	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6PV70	Heat shock protein 70 family protein	136429,4	114361,1	117607,5	222269,4	298610,5	201748,1	279372,6	261997,8	188200,4	231181,2	257609	195575,6	0,017512846	0,01388761	0,005423783	-0,971988083	-0,865782948	-0,983502607	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6S0R6	Chalcone synthase	121215,7	101739,7	33381,33	252219,3	237331,3	268807	216344,7	231374,7	182057,3	172700,7	264272,7	234775,3	0,004012062	0,014865903	0,021730482	-1,564838574	-1,296800448	-1,389881695	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6QW47	Monodehydroascorbate reductase	54069,19	74630,7	63063,56	131989,3	168557,4	209230,1	181137,4	186378,5	126693,8	158315,4	178632,5	160570,2	0,01009692	0,017138698	0,000312075	-1,410538136	-1,324264812	-1,324542165	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6R884	Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37e	18335,2	17603,16	15764,82	33097,25	44629,99	29772,41	32757,44	30014,29	23249,69	31954,82	35430,4	27337,99	0,01518525	0,017418256	0,004349125	-1,056007232	-0,734443119	-0,873465013	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6FP03	Phytoplalnine ammonia-lyase	82098,51	10566,69	43317,58	140760,3	115177	97178,74	105232,3	111639,4	98810,39	112337,3	105136,6	0,027012593	0,019275258	0,012943759	-1,002819524	-0,843507726	-0,915247016	DOWN	DOWN	DOWN	
A0A2R6RT38	Fructokinase-7 like	2767,48	5358,48	2274,364	14118,4	23514,58	23659,54	24426,94	26918,47	12003,12	34348,41	34382,5	22845,07	0,018233476	0,020010022	0,002187887	-2,494088149	-2,606682826	-1,32393087	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6RXV6	Tubulin beta chain	21959,01	19417,77	27513,24	40468,52	37498,23	49470,8	39346,37	46452,65	65651,71	41355,64	51027,29	67625,84	0,010685199	0,028538371	0,0119432276	-0,887423554	-1,136481666	-1,215784086	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6RP64	Phosphoglycerate kinase	96244,47	119235,2	64560,77	170610,6	164934,3	155969,1	175627,4	188749,2	135788,5	178223,8	237879,2	160371,2	0,012696242	0,030908986	0,025061589	-0,811597055	-0,83676892	-1,041620843	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6Q5N5	Glyoxalase-like domain protein	21561,44	41211,29	44859,02	62839,61	64573,52	90036,03	77708,09	87008,65	53909,3	59549,88	116111,7	83423,67	0,032427409	0,038928269	0,04795924	-1,014574387	-1,02236149	-1,26732309	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6PEX0	Cell division cycle protein like	33514,34	44408,64	28718,07	66407,75	57381,75	61292,8	74071,87	77835,05	47195,55	63725,87	71865,11	50934,84	0,007996333	0,045068248	0,025424957	-0,795403896	-0,900748142	-0,806612451	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6RTB6	Ras-related protein like	3984,211	5590,571	6098,974	7054,57	9063,919	11097,4	9480,87	9955,611	6602,024	11849,42	9045,11	14301,97	0,044414798	0,047962584	0,016800269	-0,796098226	-0,732295666	-1,167080884	DOWN	DOWN	DOWN
A0A2R6QM12	Chaperonin 60 subunit alpha 2 like	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1515,506	1424,131	1215,676	-	-	-	-	-	-	Unique POP3		
A0A2R6PQB8	Heat shock cognate protein	0	0	0	0	0	0	3245,455	4373,03	1318,367	0	0	0	-	-	-	-	-	-	Unique POP4		
A0A2R6PH78	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating	48354,67	47368	46951,33	65582,67	50675,67	66288,33	67560	68959,67	69126,33	64131,33	60385	66595,33	0,059912722	5,41269E-06	0,000955022	-0,355542874	-0,527440559	-0,421693401	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6Q202	Phosphoserine aminotransferase	24184,67	24423,33	24148	35909	33840,33	34634,67	33826	32763,33	29940,33	33697	32577,33	36716,67	6,52014E-05	0,002412835	0,001292099	-0,520762459	-0,407906169	-0,50210359	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6PSV8	Eukaryotic initiation factor 4A-8	139912,6	136362,6	153263	137371,5	150922	155831,7	187009,4	186442	207670,9	154179,3	152473,9	153904,7	0,55443144	0,004326003	0,275171547	-0,04818014	-0,436055268	-0,072124546	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6S2Z3	NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein like	22573,33	21262,33	18536,33	24659	23606,33	26249,67	23994,67	27656	27534	25482,67	22597,67	14503,34	0,059646418	0,009437081	0,984786529	-0,256632351	-0,439582916	-0,040910717	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6PR65	Phosphoglycerate kinase	23447,02	21760,6	20731,97	22893	23122,12	24330,2	18030,72	15870,37	16549,12	21042,45	23617,7	21616,94	0,181229696	0,007076551	0,924248759	-0,093309714	0,386207151	-0,007365667	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6PFX3	Pyruvate kinase	17752,95	19065,81	16137,29	19767,51	22275,54	22724,33	23029,43	24503,33	21973,52	20696,08	21356,98	17053,92	0,034560694	0,007928097	0,26504666	-0,29047192	-0,392472703	-0,158533164	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6PXL7	Fructose-bisphosphate aldolase	295795,7	275582,7	312695,3	424335,7	301342	303388	368335,3	358662,3	344391	265523,3	338794	285870,3	0,314481595	0,088134819	0,937267813	-0,219096552	-0,277243446	-0,009942924	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6R818	Cell division cycle protein 48	31530,38	70232,07	27373,78	42450,99	27468,45	27352,36	38650,8	35514,26	36261,97	45805,09	42923,48	30510,53	0,068402849	0,099137889	0,086593333	-0,124348501	-0,361755093	-0,472518996	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6P5Y3	Elongation factor Tu	44285,17	46911,67	47697,33	26949	32443	38470,67	41490,33	37798	38715	28752,67	41709,67	31573,86	0,017155668	0,01066807	0,039130148	0,505155522	0,235158204	0,449405023	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6R2J5	Thioredoxin M-type like	179778,17	167762,3	155033	280702	210371,3	175132,3	247183,3	205790,3	226529,7	287755,7	141399,3	105411	0,161892983	0,013733824	0,820833771	-0,406631588	-0,434571129	-0,479787492	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6RP3U8	Fructose-bisphosphate aldolase	106142,9	110540,1	98326,67	139713,4	116812,16	151745,4	141669,8	137000,2	122367,4	96619,73	108263,4	124829,3	0,045692999	0,013668555	0,61232364	-0,374132579	-0,348340599	-0,065812313	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6QVL6	Phytoystem II protein	17225,47	14206	16249,66	12116,39	13974,11	12621,33	12246,49	11088,69	12473,39	14980,13	10817,04	1237,98	0,045163677	0,015903698	0,099125431	0,30607952	0,41854943	0,27726465	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6PKX2	Mg-protoporphyrin IX chelatase	53779,44	51381,71	42537,2	62233,02	64986,18	45084,31	76568,94	76548,35	62726,67	53717,54	85075,65	51531,63	0,311324458	0,016608574	0,278651312	-0,222786889	-0,547823568	-0,366298535	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6Q4H9	Ferredoxin-dependent glutamate synthase	34429,44	330348,3	374643,1	377960,9	394831,5	412138,9	429094,1	383039,6	341447,2	278977,2	300018,5	0,07375628	0,012780319	0,169032495	-0,221309011	-0,31592834	-0,143094233	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
A0A2R6RER5	Alanine transaminase	141150,9	156603,5	132073,7	94052,1	133005,4	120323,7	90723,12	119152,9	91217,35	118304,8	108506,3	157789,4	0,111907809	0,021108555	0,417145073	0,307239974	0,513548746	0,160390929	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6QG75	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta	56070,67	65512	68039	87019,33	63730,33	90958	104639,7	78670,67	97298,33	73042	64357,67	83457,33	0,133548276	0,023805265	0,190566724	-0,350139415	-0,565453748	-0,219988739	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6R7P2	Cell division protein FtsZ 2-2 like	24781,33	20155,33	25159	30598,67	36648,33	30424,33	29266,67	39863,33	36864	27823,33	25490,67	22908,33	0,024198264	0,027781772	0,394425748	-0,478609932	-0,596585436	-0,127148091	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6Q9C6	Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein	82363,75	66506,17	87306,74	97749,45	90036,79	94623,67	114731,6	100210,4	1319129	89271,7	90825,15	95720,42	0,07862487	0,02873594	0,110483883	-0,259574572	-0,55639067	-0,225496601	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6PB01	RubisCO large subunit-binding protein subunit beta like	116571,6	144866,2	141575,2	137854	151062	144516,4	173684	169511,7	152365,9	185294,5	139300,9	0,35466277	0,028951546	0,20594525	-0,104980793	-0,174304592	-0,094370671	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
A0A2R6PR59	Pentose-5-phosphate 3-epimerase	215922	256977,3	241614,5	202055,4	235331,2	230426,9	204048,2	190406,4	174273	216384,8	205781,4	223115,2	0,381448147	0,02982071	0,150416082	0,097516559	0,330313474	0,147033368	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6Q0C1	14-3-3-like protein	81093,46	97804,66	76304,39	106712,5	101926,9	111483,3	104932,3	115491,3	106755,5	115129,8	114264,7	116293	0,037735666	0,003013513	0,099959252	-0,326982281	-0,258438152	-0,347826082	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6RHM5	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase	180297	177991,7	178029,7	303323,7	218057,7	98374,05	241526,4	218307,7	198428,7	189843,7	287139,7	92678	0,664239574	0,031144012	0,852727373	-0,208609507	-0,295573935	-0,087014069	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6PW68	Malate dehydrogenase	208078,4	252255,1	224415	250835,2	268073,5	301641,5	275639,2	232046,2	276795,4	255435,4	299483,7	310611,5	0,083335481	0,034083888	0,048650469	-0,261017385	-0,332852337	-0,338030389	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6R1F7	Calreticulin like (Fragment)	117650,5	126078,1	92834,93	168268,4	136826,4	156479,6	171192,3	191115,7	140998,5	127930,6	167386,9	331148,7	0,037116611	0,03459063	0,136395015	-0,45568412	-0,58055808	-0,341552307	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6Q2K2	Aspartate aminotransferase	69446,35	94713,18	93479,46	80707,52	88509,45	116267,4	115778,6	107232,1	104143,4	119701,5	112666	88755,6	0,531642218	0,034604008	0,136770465	-0,147948594	-0,41717605	-0,317566234	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6PIN4	UDP-sulfoglucosylase synthase	131176,6	110402,9	109962,6	104260,9	93776,43	76978,48	85478,66	94765,5	62906,16	106579,9	127395,4	80792,94	0,073631575	0,037279267	0,464855423	0,354183102	0,531846836	0,159407971	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
A0A2R6PQ98	RubisCO large subunit-binding																					

AOA2R6R356	Serine hydroxymethyltransferase	51001,96	31556,98	14215,63	18177,1	20703,48	6968,959	11151,16	6114,378	8478,124	12875,95	20017,47	8088,562	0,21177435	0,091850768	0,171434863	1,077721004	1,910410603	1,239638423	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PDM1	Elongation factor TuB like	227326,8	222458	267296,7	223038	277705,6	260323,3	290319,7	286459,3	257078,3	259960,3	318684,8	283590	0,532532747	0,092248773	0,094789469	-0,085886267	-0,217663448	-0,265944188	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QG63	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	29380,74	43944,26	48243,84	69527,26	95607,05	55302,12	78457,77	95699,39	47585,2	71459,53	105478,4	55317,9	0,065781881	0,092789319	0,080407169	-0,858589164	-0,867084921	-0,933945118	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RRR43	Sedoheptulose-1,7-bisphosphatase	53307,61	63169,42	54260,44	46746,2	54007,11	61902,77	78793,02	76788,99	59563,11	87271,72	69123,34	82215,87	0,176073826	0,093295745	0,022250462	0,056456724	-0,348230541	-0,376878605	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PQ20	Elongation factor 1-beta 2 like	21026,67	38265,6	18079,75	15077,99	201019,51	17316,79	66544,41	77434,57	31692,66	38094,96	44461,1	33257,17	0,288421418	0,096796968	0,144689965	0,534586126	-1,182975522	-0,581729349	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RWU7	Sedoheptulose-1,7-bisphosphatase	260065,1	312597,9	25816,7	285652,1	381425,6	441894,6	382959,3	390300,3	290112,6	385891,3	295986,3	367695,8	0,123820627	0,098830148	0,087027339	-0,4382048	-0,377628511	-0,358784627	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PVV18	Plastid-lioid-associated protein like	14035,44	13173,43	12907,57	35027,8	296752,9	38765,89	343864,3	39833,1	474440,5	277785,5	26632,35	31079,61	0,088812572	0,101584229	0,301079056	-0,409551488	-0,418940021	-0,360436422	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RVC3	Acetyl-coenzyme A synthetase	39060,67	46424,33	49618	37702,33	36492	35651	39792	36271	38341	39123	29577	34965	0,057230538	0,103881105	0,067468015	0,298586131	0,39922215	0,378937498	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R9X6	Phosphomannomutase	18170	21658	21297	24840	18983	18795	21703	25564	29903	15355	29243	38114,5	0,837374064	0,110242632	0,344250136	-0,03481487	-0,336277546	-0,436342814	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6S282	Proteasome subunit beta	36964,5	23199,5	36251	51027	27593,5	37573	44888,5	37274	53152	33139	29563,5	38313	0,462953536	0,112973637	0,780490941	-0,269199845	-0,488986924	-0,06274216	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q1R5	RNA helicase	34550,5	20220	23351	30525,5	41900	22159,5	39253,5	59412,5	33143,5	28828,5	74874	17652,5	0,487649281	0,119159327	0,469197024	-0,275891758	-0,754662799	-0,635441995	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RS20	Phosphopyruvate hydratase	134985,7	89730,67	72835,54	87084,39	82842,27	79614,23	63528,67	70740,25	42053,82	81915,72	102387,2	65960,43	0,439866556	0,119424803	0,501101435	0,253865291	0,754922967	0,246945428	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QH72	UDP-glucose 6-dehydrogenase	8600,633	8666,934	3721,651	6356,163	11171,29	14463,9	8091,867	20227,75	23776,21	9354,218	28433,02	28549,23	0,270101943	0,11968297	0,083380352	-0,6080338	-1,407920702	-1,660153764	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P7L3	L-ascorbate peroxidase	175631	125576,9	205635,1	317448,9	126240,8	156851,8	231544,4	199712,6	305283,6	315551,3	208896,8	97690,12	0,649734845	0,121269688	0,59741953	-0,24472494	-0,53922602	-0,295696084	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QRK0	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	208059,3	151394,3	127553,6	202993,9	219169,1	199294,4	218754,6	198014	214908,4	225164,5	215756	193040,6	0,143100778	0,122740416	0,129435528	-0,351712122	-0,37524388	-0,38045102	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QXY8	26S proteasome regulatory subunit RPN11	26832	43328,5	49833,5	62640	30408,67	56743,33	64075,67	57538,33	47249,5	49947,67	59204,67	52997	0,45585127	0,12504495	0,129152781	-0,319998306	-0,492895253	-0,434360823	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6S025	Malate dehydrogenase	23560,07	18946,72	14878,91	19266,74	19680,74	20458,51	15253,39	14677,17	10279,72	11426,92	15693,83	12202,83	0,803402318	0,125117023	0,100518093	-0,049917223	0,513126888	0,545296425	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PKJ9	Malate dehydrogenase	257746,5	382695,3	243542,5	278693,7	280949,1	292963,4	280995,9	299593,1	281362,2	252698,2	304183,6	269302,7	0,14719162	0,15638162	0,34815554	-0,119215617	-0,134942287	-0,38000039	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q1M7	Heat shock protein 70 family protein	90041,03	111213,4	107337,8	122893,6	163336,2	190719,9	190570	174622,7	113927,2	133593,1	177781,7	148421,3	0,053823416	0,128274084	0,025578497	-0,628135721	-0,44144656	-0,575292746	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QMC2	Coproporphyrinogen oxidase	22179	13506,33	7994	35891,67	36281,33	15519,67	130507	32584	17268	12000,33	53666,33	31910	0,148195772	0,131257413	0,35700455	-1,00417216	-0,85347668	-0,970266648	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QGA8	ATP-dependent Ctp protease ATP-binding subunit ClpA CDAB like	20873	14931,98	15241,61	27646,16	18938,08	8514,792	23527,91	26283,35	18240,03	11622,47	19950,92	9522,667	0,828931009	0,1365667	0,423437329	-0,110212268	-0,414807846	0,312814395	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PGV6	3-ketoadyl-CoA thiolase 2, peroxisomal like	56282,22	63507,2	40948,38	68499,42	76673,29	31308,09	97647,77	97621,58	53835,76	38382,97	44106	54503,22	0,751411096	0,104234084	0,386688765	-0,134801913	-0,632045349	0,230615617	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6S2P9	Ferredoxin-NADP reductase, chloroplastic	91931,65	71224,2	57354,91	87784,67	107654	94315,33	94701,27	111786,3	84404	60855,67	98344,67	110338,7	0,118035407	0,141540245	0,297363294	-0,393979525	-0,399632597	-0,332324811	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QU27	Chloroplast stem-loop binding protein	83143,67	126715	79497,67	89652,67	63798,67	63583,67	68458,33	58074,33	75427	75095,33	61104,33	105379,7	0,246294448	0,147086726	0,51878002	0,403003724	0,51878002	-0,263650182	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R205	Peroxidase	196110	183722	151086	233513	185990	175643	214397	187293	241754	183268	141926	91856	0,391605888	0,143853751	0,269616246	-0,164754576	-0,277325539	0,348216896	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RPH6	Protein ASPARTIC PROTEASE IN GUARD CELL 1 like	150393,5	142592	95381	66973	80732	114211,5	104125	103188,5	71017	80700	87578,5	102311	0,130227163	0,145770768	0,0838187	0,568311813	0,480161975	0,692591118	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RA01	S-methyltetrahydropteroyltrimethylaspartate-homocysteine S-methyltransferase	404716	493244,5	454184,7	473028,3	517336	557740,3	506471	541606,7	27668,7	566942	561933,3	557178,7	0,13892456	0,146205211	0,01245529	-0,195253145	-0,172776571	-0,318400873	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QB9Y	ATP-dependent cist metalloprotease FTSH 2 like	237875,3	205170	209299,7	238480,3	243219,3	247285,3	217931,7	279788,3	47262,8	270034,3	249274,3	238869,3	0,073421225	0,149378433	0,118160699	-0,160254637	-0,239876418	-0,197746393	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PSK6	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase	220344,7	207675	127338	143404,3	252167	213041,7	266328,7	243671	216453,3	229463,3	206083	254908,7	0,701701703	0,15409569	0,236369165	-0,132107941	-0,387452523	-0,314132271	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QTA8	Heat shock protein 90alpha family protein	75608,33	104443,7	71040,78	133931	101788,3	97804,96	199361,4	255358	78398,44	98189	173748	53640,67	0,150876868	0,156389413	0,534558167	-0,409571349	-0,374781221	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6PLF5	Alpha crystallin/Hsp20 domain protein	26231,5	10970	35229,5	76036	22828	37975	34746	34424,67	56983	156824	41308,5	76324,5	0,283343712	0,158540468	0,126058138	-0,917800267	-0,79845444	-1,921900937	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QGD3	Citrulline-aspartate ligase	30216,5	40734	44426	46048,5	52579,5	38926,5	54234,5	60584,5	49602	83699	48189	35606	0,271602352	0,159018095	0,311672117	-0,253653933	-0,420519556	-0,537760012	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PMQ8	Omega-amidase	37743,33	42739	52451,33	35630,67	36454,67	32092,67	32596,33	32382	41025,5	44558,67	30245,33	39510	0,101299649	0,160489914	0,360630293	0,351655881	-0,320478625	-0,377044426	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R2U7	14-3-3-like protein	39424,17	56543,03	56785,72	43754,02	43877,61	48388,34	62579,85	57064,6	65164,48	38332,63	34356,61	46597,13	0,401323686	0,161143321	0,159485006	0,167381451	-0,274835467	0,367696956	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PZ72	Pyrophosphate-fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha	20281,67	31180,33	11952	37707,33	31089,67	39343,33	38563,33	50383,67	23427	28076,67	50904,33	36795,33	0,071274528	0,1638812126	0,114607537	-0,770031422	-0,0856234991	-0,282543991	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RA4E3	Glyoxalase I	166777,3	123201	177229,3	158503,7	130600	123109	129986,7	118223	131852,7	156840,7	107296	122858	0,424973197	0,163945582	0,303513113	0,166712166	0,283664952	0,257778913	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PJT19	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	390530,7	48825	393008,7	296236,7	523204	513308,3	331258,7	410126,7	294015,7	401964,7	418062,3	580842,3	0,814814932	0,168649384	0,58486408	-0,067151809	-0,297063674	-0,139099999	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QH88	Glucophosphodiesterase phosphodiesterase	37124,5	44991	48555,5	18680	41446	33856	40626,5	21758,5	35378,5	33807	27916,5	41960,5	0,178129547	0,169751206	0,164242588	0,475482623	0,418571157	0,333745716	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RDP01	L-ascorbate peroxidase (Fragment)	46803,67	26941,67	19170,67	68605,67	62826,33	45853,33	52547	58145	34827	60303,33	52781,67	31520,33	0,058163678	0,180449403	0,220587409	-0,932074235	-0,647208581	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6RG23	L-ascorbate oxidase	18760,92	16460,06	37020	40439,69	34363,87	42617,38	36583,2	33003,29	34602	34803,6	36505,88	41760,99	0,09637453	0,181184854	0,17165583	-0,700792985	-0,528036039	-0,646837376	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PQSQ7	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 15 (Fragment)	40114,33	23808	17849,33	50509,67	38048,67	34434,67	40875,33	43907	32730,33	38391,67	62953,33	72707	0,172687307	0,184779909	0,128191135	-0,640699823	-0,523134332	-0,712730968	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PFJ4	Mg-protoporphyrin IX chelatase	23375,5	33353	24495	24617	41534	25040	41459	28800,5	34189	36179	39584	26348	0,631153891	0,184484407	0,241620132	-0,16699425	-0,368222673	-0,33016918			

AOA2R6QD57	Protoporphyrinogen oxidase	11915	12117	22793	19297,67	20895,67	17004,67	17143,33	26878	20985,67	17059	28074	16794	0,410512946	0,255789719	0,385284497	-0,288685708	-0,473316082	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6CQ71	Triosephosphate isomerase	176442,3	243055,8	176857,4	192899,8	284974,3	290318,4	247563	296252,6	274443,5	314230,3	284762,9	0,211972412	0,25613792	0,021232681	-0,365295155	-0,312272237	-0,550530645	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6QY18	Glutathione reductase	82817	55663	41948,67	83086	46971	74558	42228	49824,33	39684,33	27735	58775,5	38090	0,645170647	0,260325176	0,28478263	-0,181483337	0,453717622	0,534118716	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6CJ88	Serine/threonine-protein phosphatase	8064,5	16274	12020,33	13448,33	13202,33	18666,33	16396,67	17394	17604	14103,67	15373	21006,67	0,652654997	0,260343735	0,393181081	-0,159680543	-0,341246841	-0,315435358	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6CQ113	Glutamate decarboxylase	11392,67	20208,67	23767	20269,67	18941	10216	34055,33	20264	23023,67	32163,33	27121,33	27263,33	0,703618809	0,260451271	0,061572862	0,163771481	-0,482209657	-0,644439386	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P6V67	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta	21907	33480	27764,33	36359,67	31362	35709,33	33180,33	30852,67	32389,33	27870,33	42494,33	45162	0,140982307	0,264313922	0,163342264	-0,314857348	-0,213627945	-0,474414601	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R8UB	NADP-dependent D-sorbitol-6-phosphate dehydrogenase	100220,4	85109,37	74373,81	90831,42	101306,6	76842,76	59421,05	88691,21	67063,94	79965,37	114613,3	80947,64	0,779285117	0,267565286	0,718590174	-0,050637133	0,271347174	-0,085324259	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P2W1	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	65921,37	386819,2	401544,3	414376,1	368143,8	326598,5	90531,31	349744	362745,4	338693,1	312657,3	293238,4	0,287356496	0,267591586	0,1340188	0,384150378	0,158085547	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6R727	Phenylalanine ammonia-lyase	72734,24	15563,01	59984,14	81520,43	72744,06	107580,1	71189,41	61524,4	88855,57	85308,76	47604,47	108890,1	0,13479182	0,27049884	0,728384309	-0,820373181	-0,577661905	-0,70549671	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P7U79	ATP-dependent Clp protease A-TDP-binding subunit ClpA CDAB like	29988	24643,85	13202,19	43699	33662,53	17051,74	37836,8	42625,27	19982,2	18600,01	35338,39	14154,13	0,390698361	0,270748411	0,992052398	-0,5611337	-0,005486993	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6PI90	Glycine cleavage system P protein	191442,1	160450,6	122909,7	149952	161788,9	102593,5	150194,4	12975,78	102760,3	156278,9	13209,13	91606,68	0,494227418	0,271990718	0,312268373	0,196531452	0,310998506	0,321415758	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6S0D5	Cysteine synthase	85912,33	153098	75261,67	68985	95509,67	114709,3	62825	81780	74513	81640	84907,67	121224,7	0,695104976	0,273068887	0,763885304	0,170694131	0,520305738	0,127085844	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6S1K4	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	145435	130342,7	136265	164326	135959	107759,6	182767,3	120826,5	207699,7	166636,7	136433	124411	0,940965215	0,275219555	0,718633552	0,014066991	-0,311358021	-0,053065439	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R193	Ras-related protein	9233	9542,468	11291,44	11428,54	11655,31	15749,99	11410,27	16031,04	9661,327	11019,84	13547,74	13648,25	0,131254168	0,275844768	0,064464014	-0,369137987	-0,314963551	-0,345993799	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R5S3	Glucose-1-phosphate adenylyltransferase	68927,75	25176,52	15929,71	13220,24	11665,87	10629,33	17216,16	16130,78	14841,62	13835,11	18197,2	9578,479	0,203586802	0,76106844	0,239825969	1,631430915	1,191186476	1,40291974	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PMD3	Calcium-binding protein	64768	43656	48212,67	54889,33	52206	62861,67	62468	57809	61088,33	28138,5	52909,33	54497,67	0,56917214	0,277381475	0,546167911	-0,117747814	-0,211476753	0,208644751	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R2L5	D-fructose-1,6-bisphosphate 1-phosphohydrolase	438870,3	455918,3	383725,7	453297,9	509651,3	548238,7	457203	515687	430205,3	504001,7	495465,3	524501	0,091894301	0,280817994	0,025069534	-0,241215453	-0,134144702	-0,253364275	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R5T2	Tubulin beta chain (Fragment)	20677,77	18245,81	24908,49	29157,25	23720,79	31027,71	21375,56	26528,11	25123,19	23315,47	26216,66	28808,58	0,084525363	0,284248134	0,126420816	-0,394488181	-0,194145867	-0,259646281	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q181	Oxidoreductase, N-terminal protein	68496	148327	109410	192881	181801	129988	166763	126305	130712	148813	185941	162976	0,119474255	0,285076245	0,087774597	-0,629437604	-0,377412778	-0,619857844	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R1H3	Cysteine synthase	5415,209	18868,37	5488,754	15159,68	9945,945	20903,86	21505,06	24776,77	8269,329	17018,91	25754,46	27057,19	0,379117823	0,287797298	0,701160751	-0,62795876	-0,873637552	-1,229880612	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q519	Alpha-MPP	39714	62957,33	59214	59184	85955,33	80051,67	60923,67	74278,67	58600,67	70824	62824	61971,67	0,294565623	0,288739674	0,219801939	-0,291919165	-0,259618619	-0,37079135	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R585	Fructokinase-6 like	1087564	185436,7	180779	102008,3	133013	185535,7	119274	139432	122330,7	128640,7	142704	104883,7	0,631248938	0,290279362	0,294009118	0,174956801	0,317328317	0,323564649	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PGD4	ATP synthase subunit beta	868902,3	694874,7	870153,7	777121	861651,7	1017329	892591,3	835759,7	947299	72687,7	788109,7	774375,7	0,462857346	0,292576079	0,476202943	-0,126022116	-0,136601339	0,087831488	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R0X8	Histone H4	42224	30158,33	42548	65460,33	19852,33	41550,33	50443	34532,67	69833,67	52872,67	88831,33	14933,67	0,787305627	0,393086359	0,844193259	-0,142511748	-0,429732837	-0,177325343	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P7F1	Alycine--glyoxylate transaminase	314626,9	371888,1	375954,54	369295,36	398943,2	433501,1	383130,4	413372,3	356659,96	422315,1	453177,2	453177,2	0,16262372	0,304069105	0,207378145	-0,177699794	-0,118672325	-0,206563579	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PUI8	Cytidine AMP-responsive element-binding protein like	413465,4	58382,5	50231,5	37194,5	48697,5	56729,5	45907,5	47301	33373,5	51849	43033,5	55539	0,760817518	0,30434925	0,698067884	0,077391058	0,244510273	-0,007085156	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P628	Tryptophan synthase	8830,5	20800	15234,5	9269	20534	17102	21467	19720	16795	14375	9873	25270	0,894263911	0,304683912	0,800078983	-0,064151309	-0,370014687	-0,142366335	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P723	Proteasome subunit alpha type	22829	18643	12299	39099,5	25686,67	23595	26429,5	31251	15516	167120	36134,67	17273,33	0,114872486	0,30917322	0,484052947	-0,716910673	-0,444948633	-0,383162282	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QAA3	Mg-protoporphyrin IX chelatase	194637,6	132425,3	148369,68	189630,6	188021,5	109343,6	192117,5	186358,3	166926,8	135677,5	120032,4	121727,2	0,91106186	0,311579441	0,393975868	-0,034667855	-0,19800871	0,024482844	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P6V62	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	70876,74	127947,1	61743,6	60196,93	137663,7	92517,58	93149	121846,4	124401,3	107922,3	70064,81	103881,1	0,76678255	0,317184756	0,158147284	-0,151797678	-0,381315706	-0,113363882	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P616	Aldehyde dehydrogenase family 2 member like	78364,55	99850,66	103813,8	98084,57	118141,2	136625,7	78896,71	75870,83	94075,15	108649,4	114096,8	113658,5	0,158808586	0,318048824	0,088751727	-0,323217657	-0,180609667	-0,254353959	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QC2V	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	646914,1	747427,6	489709,6	587953,5	778489,9	813082,7	814174,2	815361,7	603783,3	836085	804661,9	555783,2	0,391367102	0,320753053	0,420446437	-0,210176205	-0,245351178	-0,221387985	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R0X3	Vacuolar proton pump subunit B	117488	124155,3	91514,33	137622,3	153034	103401	205716,3	135679,7	101288,7	147558,3	36669,3	89590,67	0,233593572	0,321510555	0,542338402	-0,381680523	-0,166213276	0,562947946	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P6DF9	Glutamate 1-semialdehyde-2,1-aminomutase	80616,39	52286,33	106516,2	47513,55	56015,29	61664,33	46762,76	63858,78	70562,7	43115,93	73043,3	45907,7	0,201204095	0,321892647	0,232465396	0,402079466	0,535382979	0,402079466	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PQ27	Elongation factor (Fragment)	122303	78944	86236	123257,7	120626,33	65975	112861,7	111468,7	107810	93106	157199	84356,33	0,761812481	0,331691433	0,586612319	-0,108135226	-0,20831628	-0,219095893	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QF58	(S)-2-hydroxy-acid dehydrogenase	40539,08	47838,48	68694,5	43140,95	48539,03	47911,44	41884,63	54471,34	45822,36	37905,19	36233,14	36509,65	0,260075511	0,33212263	0,191735768	-0,156145661	-0,177147113	0,184312485	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R5K4	Starch synthase, chloroplastic/amyloplastic	33703,33	19696,5	21943,33	18091,67	28015	17394,33	21560,5	14084,5	12894,67	32037,5	13003	17762,5	0,515083157	0,397145542	0,24669736	0,364062214	0,24669736	0,24669736	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R7V6	Protein INZ-1 B like (Fragment)	40067	89200,5	52335,5	43395	67903,5	89135	93786	76656	66171	69242	67174,5	48311	0,767257506	0,336792966	0,954653946	-0,142335622	-0,381741305	-0,023204159	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R6M9	L-ascorbate oxidase	31866,74	28069,94	70429	58230,58	54024,46	59378,95	56490,8	45074,05	36012,10	40253,45	60233,02	64180,7	0,414944607	0,339638034	0,732623538	-0,366223251	-0,362276946	-0,16936564	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R7K1	Z65 proteasome non-ATPase regulatory subunit 7 A	26408	20025,5	42546	37018,5	28082	20417	42699	29288	42832	35227	36829	24506	0,895408013	0,345895962	0,760313025	0,057253313	-0,367816699	-0,117982566	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R247	LL-diannoinomelate aminotransferase	219392	210290,7	366773,33	110108	165758,7	217242	135357,7	194038,7	265206,7	155443,3	188702,7	121424,7	0,163929876	0,346439562	0,421675563	0,021676563	0,774594499	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6R822	Ras-related protein Rab7	28084	31633	40929,67	37097,33	33802,33	45545	37709,67	37473	37631,67	46138,33											

AOA2R6QSE1	Succinate-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial	58469	83496	91456,67	64125,67	79569,33	93758	64739	74728,67	66976,67	59299	82262,33	84424,33	0,923318694	0,435555769	0,8556978	-0,024703502	0,177185662	0,04670721	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QD26	Heat shock protein like (Fragment)	8285,661	12868,85	7113,681	12054,37	14026,71	11953,42	11875,94	21163,77	6910,045	15527,32	31984,64	13619,17	0,158586971	0,438614815	0,146382302	-0,428128768	-0,499006961	-1,112772507	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PKX5	Chaperonin CPN60-2 like	84959,7	91731,63	134202	117556,7	129819,8	136863,2	123275,2	146596,8	95809,08	146268,9	181357,5	126487,1	0,210502787	0,439187127	0,09841867	-0,305586475	-0,234166231	-0,546633266	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QUG7	ADP-ribosylation factor (Fragment)	29463,67	67568,67	44279,33	46336,67	76785,33	123935,3	40072,33	97050,67	56277,67	60886	122575,33	130974,3	0,433681497	0,439665528	0,439657286	-0,8059653	-0,452712189	-1,153664043	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6S0G9	Acetylhydroxy-acid synthase small subunit	39308,5	3671	62882	45105	37680	40238	37494	55813	59611,5	35907,5	58785	29437	0,758132286	0,44461754	0,769031809	-0,216750061	-0,530584952	-0,229668019	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RBB2	Aminomethyltransferase	304636	475212	235324,3	457836,3	474905,3	246027,3	309635,7	266701,7	253134	410611,7	453017,7	451340	0,227775369	0,445850642	0,243856802	-0,215556368	-0,292466029	-0,370339196	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R6V9	Ribulose biphosphate carboxylase/oxenase	185479,7	171453,7	172080,8	188595,7	191174,3	218446,5	171833	182156	144262	200537,5	227471,5	220655,4	0,094902693	0,447936819	0,012171724	-0,177362113	0,08634407	-0,294165636	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RPG8	Calmodulin	87000	195038,7	627098,33	65775,88	189219,9	281166,5	206179,9	267034,6	57447,85	221198,5	221277,7	0,431568419	0,451624245	0,055048832	-0,663405764	-0,128179626	-0,396227767	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6R3U5	Dihydriolipoyl dehydrogenase	84245	92423	78552,67	83366,67	68015	49910,67	86661	66518,33	83519,33	76382	82003	43853	0,161232115	0,453270349	0,232225861	0,342452932	0,108693578	0,335691056	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QMPB8	CHD3-type chromatin-remodeling factor PICKLE like	174774,3	313449	6994	203395,7	212132,7	156214	375257,5	182065,7	204081,7	325373	226412,3	225851,3	0,791553176	0,45824192	0,375937434	-0,207303303	-0,61541987	-0,650956764	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PFFV6	RubisCO large subunit-binding protein subunit beta	451307,2	540572,6	465541,4	465581	592310,7	585313,5	544589,4	572497	452044,3	569299	593959	479690	0,279745617	0,461248076	0,236152228	-0,173094699	-0,106547567	-0,172868868	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6S202	Plastid-lipid-associated protein	29249,67	43435,67	66702,67	44051,33	61286,33	60661,33	56044,33	57762,33	52389	65493	44098,33	64108,67	0,510372833	0,463358592	0,426083946	-0,252068187	-0,253776402	-0,31749139	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q0B0	14-3-3 protein	95716,55	216743,2	162159	166326,3	229183	263544,8	224298,1	237945,2	130464,9	188365,8	212192,1	233188,5	0,244586687	0,463741634	0,228197325	-0,473627808	-0,320553197	-0,417136826	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R7K5	Heat shock protein 70 family protein	307863,7	227017,9	322155,1	334495,8	279143,6	295444,8	291731,6	309186,6	333227,9	345054,6	307701,4	282427,1	0,635451976	0,466456185	0,495278865	-0,085056795	-0,124291187	-0,125892029	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QQB8	Glycerate dehydrogenase	485767,7	438438	381824	424864	488775,3	400643,3	442080,3	409109	365852,7	408701,3	454746	416692,7	0,948369292	0,470789226	0,807938115	-0,009087925	0,101808712	0,028868072	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QQWM7	Aconitate hydratase	32839,55	14090,62	19896,93	27470,35	22704,61	25392,44	19694,16	18437,05	15209,74	21102,52	18586,31	17689,04	0,636789437	0,474433985	0,605994631	-0,177330789	0,325189602	0,21993899	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QJ05	Monodehydroascorbate reductase	25509	22619,67	15775,33	21730	19939	16504	18542,33	18873,67	19622	18067,33	13727,67	12132,5	0,590245046	0,474767376	0,142891253	0,135556532	0,163982842	0,487747272	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PK58	Glutaredoxin-dependent peroxidorexin	16430,55	25708	8686	18378	29334	34344,5	25259,25	24914	14789	30919	34588,5	51829	0,201297508	0,476127352	0,053421485	-0,691093502	-0,354083037	-1,203362509	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QVY5	60S ribosomal protein L40	155172	135769,6	133306,5	167059	151967,7	167797,2	200399,5	178565,9	110257,7	171951,3	179533,3	102215	0,072922291	0,482636747	0,720458788	-0,198491616	-0,205584491	-0,096828832	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RRW5	26S protease regulatory subunit 6B	30533,77	38208,33	26211,5	46410,58	34336,67	35339,67	405299,5	39698,67	26374,06	30624	51244,33	36473,33	0,238255947	0,483025119	0,30691304	-0,335270407	-0,212240727	-0,392527876	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R373	Tubulin alpha chain	62554,85	66430,02	61924,39	56267,23	54834,15	65666,47	60220,03	64913,66	61110,36	51855,57	60999,72	49657,73	0,269185951	0,483092891	0,064959579	0,111031311	0,035692727	0,23233189	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6REA7	Alanine transaminase	164841,1	186925,5	157646,3	146803,6	207604,9	187810,3	220778,1	202778,1	690570,3	275201,2	649777567	189246,3	0,28385906	0,12225861	-0,07976747	-0,120885904	-0,392566784	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6PD36	Glycine cleavage system P protein	92133,49	141512,7	97623,43	133181,1	148307,6	121976,3	119175,4	140701,2	159708,8	148723	131879,7	116756,5	0,238577052	0,485150163	0,291578932	-0,284437499	-0,211541783	-0,262437941	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QZ93	Elongation factor P like	21844	37334	29839	26653	40217,5	44771,5	37036,5	49333,5	22879,5	35132,5	54913	37730,5	0,344611859	0,488728698	0,166500405	-0,326727089	-0,295473891	-0,251464096	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RKM9	Sulfate adenylyltransferase	27769	13122,5	16931	30751,5	29706,5	23688,5	21911,5	25396,5	20987	25086,5	25074,5	25323	0,14835765	0,489141733	0,250825332	-0,541272279	-0,240148974	-0,384539889	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6ROC7	Threonine synthase	21656	10358,67	12307,33	26617,67	20380	15231,67	20033,33	23072,33	12050,67	18609,33	26320,67	17227,5	0,281145889	0,492595831	0,256068884	-0,489571807	-0,315503569	-0,489790546	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q2C7	Catalase	28355,68	32224,39	30185,29	28361,38	27669,37	25530,16	25986,81	25823,1	39014,96	24587,99	23697,01	29274,91	0,09438429	0,494583041	0,099384277	0,154264127	-0,138701795	0,22683072	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PKT0	Glutamine synthetase	28911,67	146651,3	156396,7	252697,7	270024,7	249527,3	259808,3	235884,7	214874,3	304850,3	230481,3	232122,3	0,181139769	0,496461238	0,347481111	-0,339863975	-0,220117175	-0,331554948	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R8M6	Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit B, chloroplastic/mitochondrial	22565,3	20913	26863,33	28328,33	19689	15794	18664,33	22897	23550,33	34337	17133	25306	0,171003347	0,498375251	0,705064892	0,089272135	0,111425849	-0,126313482	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PYM8	Pyruvate kinase	67387	47761,33	51924	64832	46372	55701	44414,67	56543	63048	41633,33	62483,67	31149	0,994772646	0,498921494	0,046946319	-0,10445673	-0,11795117	0,2886261	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P8B2	Cell division protein FtsZ 1 like	11390,58	22458	17484,37	17202,61	14205,32	22484,49	20874,46	22363,35	16301,87	18675,97	16325,7	9204,934	0,842011721	0,498934263	0,608751677	-0,070196976	-0,213966137	0,215623014	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P7Z6	Aspartate aminotransferase	257195	161567	16028,2	135911,2	105156,3	157071,7	204190,1	151339,7	143139	142246,7	123512,3	139082,3	0,158659379	0,501668771	0,143788068	0,54474431	0,219935643	0,52066068	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P73	Serine/threonine-protein phosphatase 2A	22981,5	20035	30029,33	14845,31	18845,77	25033,42	23712	26971,33	30212,67	21961,07	21552,87	24561,71	0,317956771	0,502464999	0,620399963	0,316083183	-0,146022639	0,012096807	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q7B6	Chloroplast stem-loop binding protein like	84940,33	55309	126426	106590,3	96283	61791	89727,33	65786,67	61910	58265	92124,67	55385	0,979628465	0,50397633	0,441033393	0,010920598	0,294559917	0,374019006	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PKX27	Oxygen-evolving enhancer protein like	101299,7	45739,33	64215,33	84726,67	39425	23414	91600	46962,33	141782	68081,67	22411,33	14301,5	0,436397492	0,510148071	0,203818998	0,517623839	-0,408319974	-0,114179394	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QH65	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	24906,92	42790,33	26321	23790,07	70066,82	41700,75	38615,21	49466,62	25407,67	29311	17875,33	51904,67	0,397922584	0,515400841	0,890485536	-0,527893565	-0,271545868	-0,075813077	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6G703	Alpha crystallin/Hsp20 domain protein	107564,6	25307,99	51962,14	198516,1	50340,02	70560,28	74750,08	80733,51	81874,5	217110,6	108399,4	68862,48	0,421725506	0,511593944	0,238923756	-0,809385214	-0,399328684	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6REV9	CCT-epsilon	14850,33	24730	15641	22334,67	22138,33	22280	22549,67	28112,33	31528,33	20862	38046,33	20162	0,292034296	0,513413172	0,298066973	-0,273606953	-0,2526499	-0,517910784	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QCF74	Proteasome subunit alpha type	49020,67	64449,67	86573	89428,67	90805	131063	91195	93366,67	52393	75192,33	100882,7	89001,67	0,10103042	0,513999368	0,175513356	-0,637977579	-0,244697133	-0,406097133	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q5B1	Proteasome subunit alpha type	54698	29799	54717,5	49731	27797	26797	35715	35934	47807	36313	39264	46858	0,356868423	0,51422872	0,562852793	0,416224563	0,220830165	0,18529345	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6S1X5	Tubulin alpha chain	164430	96367,45	152059,6	150209,9	120820,6	139643,1	130345,9	117583,4	119959,5	133049,3	105494,5	91548,55	0,70978664	0,516353564	0,156337303	0,009225508	0,167331574	0,323707942	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P6P8	Phosphoglucomutase (alpha-D-glucose-1,6-bisphosphate-dependent)	32412,33	37077,33	24447,33	23194,33	34007,67	33003	31325	40079	32279	40540,33	34691,33	29763,33	0,781152215	0,520155639	0,428469546	0,058486117	-0,142413942	-0,214033183	UNCHANGED	UNCH	

AOA2R6PQ69	4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase	307865,3	122363,6	166296,2	234106,2	173019,1	148026,1	263096,5	199363,5	236442,8	134297,7	162751,2	84983,31	0,833634916	0,593631491	0,302074205	0,103701627	-0,228509034	0,642888527	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q673	Heat shock 70 protein	45334,67	29229	44431,33	55093,67	44992,33	41097	34741,33	46992,67	49132,33	56540,33	37496,67	35909	0,330637349	0,596209821	0,687666377	-0,246665428	-0,137193043	-0,127011271	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6GYQ1	Chlorophyll A-B binding protein	207543	243677,3	205613	212928	270729,33	381426,7	219537,7	259882,3	210087	294476,3	265357,7	278682,7	0,244803326	0,609043528	0,015529356	-0,397312882	-0,070037855	-0,352312116	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6S129	Serine hydroxymethyltransferase	204051,6	149230,33	78967,02	234291,9	209150,5	117172	157421,8	102379,7	105657,4	206411,3	126679,2	78048,5	0,475135131	0,610090001	0,899912637	-0,361026621	0,242508525	0,072327348	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QG96	Dienadenosine tetraphosphate synthetase	28150,67	27912,33	21590,33	26881,33	26431,33	20183,67	26334	26082,33	29114	37415	32798,33	16776	0,672903359	0,612733213	0,662426587	0,079375578	-0,070289059	-0,163790653	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PFFV5	Chlorophyll-CoA reductase	214868,67	45130,67	27887,67	37862	44634	42772	37766,5	15730	25396,67	51221,67	21275,5	54599,67	0,235121549	0,613432147	0,434918192	-0,406524825	0,260520845	0,238082347	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P945	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	48008,82	65243,05	41753,54	30075,1	43937,52	56496,74	42349,98	56667,41	42261,13	40951,15	48718,05	37176,48	0,475108419	0,618913365	0,295276502	0,248165334	0,13777663	0,289244123	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R875	Fumarylacetoacetase	46642,5	15555	16067	32410,67	30979,5	29543,5	32903,5	36741,5	25301,5	37783,5	37334	27517	0,660083019	0,634208499	0,494181142	-0,247843266	-0,216756756	-0,389105797	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RRE4	Actin-97 like	27804,28	33748,05	25669,49	33265,54	33434,17	40671,73	29817,1	26707,08	26667,34	35462,15	31524,37	25819,35	0,122224651	0,636679399	0,641201386	-0,29984917	0,068252685	-0,089526791	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P248	ATP synthase subunit alpha (Fragment)	548989	465458	484315,7	455800,3	417209,3	499674,3	524036,3	480673,3	440635	497167,7	420729,3	492451,3	0,293048783	0,63700388	0,451632274	0,1267724	0,052358378	0,087720417	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PWS8	Adenylosuccinate synthetase, chloroplastic	19751	41894	37676	25215	36154,5	38662	27041,5	35401,5	25480,5	32442,5	38298	32967	0,977647085	0,637114972	0,845637611	-0,010283685	0,17584997	-0,06234954	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R604	Iso citrate dehydrogenase [NADP]	22711	17285	13217,5	35526	22890,33	10400	26827,67	16267,33	16775,67	15962,67	32281,67	12255,33	0,539276075	0,640753379	0,736739053	-0,370958728	-0,170057038	-0,185134897	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R618	Presequence protease	91335,67	50974,67	106900,3	71010	60646,33	62402	62499,67	70245	89307,33	79746,33	54057,33	48874,33	0,339592951	0,64971426	0,312465826	0,360875432	0,166468254	0,44806292	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QG69	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase	31895,5	15527	18361	26146,5	22261,5	23940	19273	22069,5	16674	21590,5	18777,5	16022	0,694119211	0,64989486	0,586442598	-0,137227367	0,181262505	0,222286426	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P8F3	Mitochondrial dicarboxylate/tricarboxylate transporter DTC like	32486	34813	58420,67	32403	59265,33	56798,67	35576	50072,33	54484,67	53819,33	47025,67	68766	0,55932493	0,657946221	0,235259031	-0,239931944	-0,156586385	-0,432019386	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6REG7	Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic	96406	65461	84951	84787,5	147543,3	102018,7	94568,33	100817	69707,5	148049	91107,67	146225	0,23306414	0,666338974	0,090047999	-0,437909348	-0,103050057	-0,64284033	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R5W0	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial	176477,5	128111,5	131836,5	148113	142685	92105,5	152822,5	111671,5	144186,5	109248,5	122294,5	93332	0,492664453	0,665796849	0,102891012	0,188754552	0,094761992	0,425850671	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R179	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase	187717,7	241487	240255,8	191581,3	148184,6	181607,5	217373,8	263414,9	220638,2	253911,5	202771,4	279331	0,088768266	0,606878789	0,481972594	0,360681845	-0,067239991	0,136734256	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PAP9	Gamma carboxyl anhydride	21669	54374,67	23205,67	15120	51068,33	59621	46127,67	60975	15539	48827	26257,33	54610,67	0,635844106	0,672075148	0,500665785	-0,342109638	-0,305319891	-0,385995445	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PB16	Peptidyl-prolyl cis- trans isomerase	44719,07	24771,21	66909,45	39583,2	23736,73	18414,33	455399,5	38965,79	74038,32	16243,69	21055,2	21273,66	0,525159968	0,673157188	0,102197563	0,738827916	-0,217040360	-0,129544335	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R913	Bate-amyrase	13629,5	12821	38519	16260	12167,5	5408,5	17999	9783	24464	24962	11337	6348	0,313480705	0,676622267	0,502317462	0,941203575	0,314442051	0,607318344	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QWF2	Acetyl-CoA acetyltransferase	119645,7	239934	264913,5	85417,33	160179,3	177884,3	126132	124256,3	282695	130437,7	275149459	681804856	0,197076459	0,560388543	0,228324708	0,560388543	0,228324708	0,560388543	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QL36	Ribose-5-phosphate isomerase	32846,5	77568	16261	38298,67	54037,67	70701,33	73600	63863,33	21055	71060	56070,33	48873,33	0,587197757	0,686070216	0,445263006	-0,364067786	-0,323512181	-0,474492552	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q332	Fructose-bisphosphate aldolase	39062,93	70710,34	21117,41	53346,01	64715,27	73286,58	56893,11	77384,04	24176,71	65651,1	96598,51	68362,08	0,266141141	0,687341651	0,131174341	-0,547835434	-0,137103303	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6RFR9	14-3-3 protein GF14 iota (Fragment)	68765,21	404239,7	83241,36	97839,72	160192,6	197290,7	137034,1	140308,7	52922,63	131031,3	159348,6	127793	0,208642506	0,688479267	0,155310393	-0,639705825	-0,20400246	-0,516908618	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6P9U1	UDP-arabinopyranose mutase	12573,12	34589,89	19175,02	20118,33	20640	22811,67	28348,15	26162,68	20690,67	29941,44	25447	31489,9	0,895183452	0,609076799	0,061490092	-0,180925257	-0,389160255	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED	
AOA2R6PCM5	Photosystem II protein D1	411086,9	390498,7	315245	286454,3	352728,3	295166,4	385001,7	357316,1	333008,9	369834,4	314840,3	289123,7	0,164422532	0,694627894	0,273773808	0,257376978	0,054635256	0,197715416	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PK60	Thioesterase I reaction center subunit II like	220568	272967,6	228227,7	268557,3	282571	146637	341702	218271	217663	307477,3	25185,7	124362	0,871075774	0,695899679	0,977348619	0,048681986	-0,1076711	-0,1071786	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PQ57	CCT-eta	29395	14262,33	7954,5	19536,5	18752	13205,67	17340,67	25458	17350,33	13077,5	35646	9479	0,99587361	0,701682508	0,842573144	0,003292867	-0,220838874	-0,173379245	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6R957	Aspartyl protease	124972,3	121775,7	182391	128472	130424,7	111128,3	141760	127664,3	135159	108583,5	112346,7	102322,7	0,395523889	0,704837109	0,141867985	0,213822272	0,085008129	0,423292716	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q4A8	GrpE protein homolog	114228	165405	122126,3	94906,67	118647	126193,5	133125	120822	128157	93949,33	105832	64511,67	0,32620796	0,708327618	0,084776957	0,24187002	0,077366179	0,604193325	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RDX9	Glutamine synthetase	212472,5	251430,7	170795,7	247853,3	220621	164648	239051	211523,6	140018,3	274055,9	189092	175881,5	0,988336607	0,715656447	0,975558416	0,0035588143	0,103950801	0,008799403	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RC48	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase	50049,83	33596,51	48395,04	60077,78	37561,9	43882,5	45997,17	42264,8	50509,5	45488,34	37903,69	34189,08	0,72901674	0,716220668	0,480177223	-0,100037532	-0,07172028	0,167334265	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6RKF0	Chaperone protein like	50192,81	26666,37	53860,61	49555,08	347276,1	22349,24	35676,01	39343,35	45239,32	25297,22	44424,49	15696,7	0,526701048	0,717073223	0,27652366	0,293850211	0,120336534	0,613858663	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q310	Pyruvate kinase	84543	92365,33	93007	89611,33	89248,33	109589,3	87396	93846,67	92990,67	87145,67	103153	125927	0,457004162	0,708164627	0,258845895	-0,090953565	-0,018041246	-0,258845895	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PEQ5	Flagellar radial spoke protein	33867,67	41318,67	47556	26012,33	34537,33	34832	39362,67	36683,33	53408	41828,67	49031,67	25374	0,136254799	0,74889452	0,482800728	0,363849017	-0,076866629	0,191238101	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PIH1	Glycine cleavage system H protein	42215	119568	44831	62676	118893	135280	119934	122787	8896	99694	97417	60074	0,335733082	0,757538487	0,506913434	-0,616229155	-0,268366091	-0,354633184	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QR4E	3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] reductase	54448,5	57780,5	66805	58819	59207	62001,5	54535,5	62342,5	67307,5	48600	70767,5	54789,5	0,935162118	0,769338352	0,840370135	-0,007983709	0,039499616	0,0394853132	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6PD00	Mitochondrial carnitine/acylcarnitine carrier-like protein	21666	18561,5	13986	27773,33	31201	21989	19816,33	18591,67	17887,33	33637,33	24192	17406,5	0,063125804	0,777964071	0,24915879	-0,578616539	-0,054363184	-0,467581068	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QR13	Transaldolase	37250	52363	49240	82100	44082	62150	47651	70113	32139,5	11764	54550,5	48713	0,248007737	0,792407144	0,593587036	-0,4303989	-0,101154815	0,280900441	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6Q5Y3	Cinnamyl alcohol dehydrogenase	63080	32669	17117,33	37335,33	33025,67	39264,33	35891,33	35993,33	29444	51894	21072,33	59987,67	0,940600421	0,792413579	0,59626268	0,042033982	0,155568084	0,030130557	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AOA2R6QX13	Ketol-acyl reductoisomerase	40307,55	28005,84	24040,31	38468,99	35204,41	36700,76	30048,57	41530,47	26411,06	33326,83	44662,04	22574,96	0,294811305	0,79273012	0,750696725	-0,257160738	-0,085466049	-0,122869732	UNCHANGED	UNCHANGED	UNCHANGED
AO																						

[illegible]