

Universidade de Brasília

Programa Pós-Graduação em Biologia Molecular

**Prospecção de genes e moléculas visando a resistência a
Pseudocercospora musae e tolerância ao déficit hídrico em *Musa*
*spp.***

Guilherme Henrique Moss Barreto Corrêa de Oliveira

**Brasília, DF
Abril, 2022**

Guilherme Henrique Moss Barreto Corrêa de Oliveira

**Prospecção de genes e moléculas visando a resistência a
Pseudocercospora musae e tolerância ao déficit hídrico em
*Musa spp.***

Dissertação apresentada à Universidade de
Brasília como requisito parcial para a obtenção
do título de Mestre em Biologia Molecular pelo
Programa de Pós-Graduação em Biologia
Molecular.

Orientador: Prof. Dr. Robert Neil Gerard Miller

Brasília, DF

Abril, 2022

Guilherme Henrique Moss Barreto Corrêa de Oliveira

**Prospecção de genes e moléculas visando a resistência a
Pseudocercospora musae e tolerância ao déficit hídrico em
*Musa spp.***

Trabalho realizado junto ao Departamento de Biologia Molecular da Universidade de Brasília, sob a Orientação do Prof. Dr. Robert Neil Gerard Miller, com apoio do Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES), Institutos Nacionais de Ciência e Tecnologia (INCT), Fundação de Apoio à Pesquisa do Distrito Federal (FAPDF) e Embrapa Cenargen.

Dissertação aprovada em: __/__/__ por:

Dra. Eliane Ferreira Noronha

Departamento de Biologia Molecular, Universidade de Brasília

Dra. Lucilia Helena Marcellino

Embrapa Recursos Genéticos e Biotecnologia

Dra. Rita de Cássia Pereira Carvalho

Departamento de Fitopatologia, Universidade de Brasília

Dr. Robert Neil Gerard Miller (Orientador)

Departamento de Biologia Molecular, Universidade de Brasília

Agradecimentos

Ao CNPq pela concessão de bolsa de estudos, INCT, CAPES e FAPDF pelo apoio financeiro para as atividades laboratoriais.

A Universidade de Brasília (UnB) pela oportunidade de cursar o mestrado no programa de Biologia Molecular.

Ao professor doutor Robert Miller pela orientação, confiança, presteza e apoio constante durante essa jornada.

Aos pesquisadores Roberto Togawa e Priscila Grynberg pela instrução, ensinamento, presteza e por todas as risadas e momentos agradáveis de trabalho.

A Érica Cristina, minha companheira de bancada e amiga, que sempre me auxiliou nos procedimentos laboratoriais, muito obrigado por todas as nossas conversas e momentos felizes.

Aos meus colegas de laboratório Amanda, Letícia, Gabriel, Michelle, mesmo nosso contato tendo sido mínimo devido a pandemia, saiba que cada um de vocês teve seu impacto na minha vida profissional e acadêmica.

Aos professores e suas matérias que enriqueceram meus dias durante a pandemia com muito conhecimento e vontade de aprender, mesmo diante de tudo que estava acontecendo. Um agradecimento especial a professora Elisabeth Ferroni por todo ensinamento e por me ajudar no meu crescimento pessoal e acadêmico, sem seu apoio, eu teria bem menos força para continuar.

A minha família e todos os meus amigos que estiveram do meu lado em todos os momentos difíceis dando muito apoio. Agradeço especialmente a Leila Graf por sempre estar do meu lado e por me dar os melhores conselhos.

A todos que contribuíram com esse trabalho de alguma forma.

Sumário

1	Introdução.....	12
2	Revisão da Literatura.....	14
2.1	Banana e a Bananicultura.....	14
2.2	Taxonomia do gênero <i>Musa</i>	16
2.3	Déficit hídrico	16
2.4	Problemas fitossanitários	17
2.4.1	Doenças de Sigatoka.....	18
2.5	Melhoramento genético em <i>Musa</i>	25
2.6	Mecanismos de tolerância a seca em plantas	28
2.7	Imunidade vegetal.....	29
2.7.1	Imunidade em plantas desencadeada por PAMPs (PTI)	30
2.7.2	Imunidade em plantas disparada por efetores (ETI).....	34
3	Justificativa.....	38
4	Objetivos.....	40
4.1	Objetivos Gerais:	40
4.2	Objetivos Específicos:	40
5	Materiais e Métodos	41
5.1	Coleção de isolados, identificação, cultivo e preparo do inóculo.....	41
5.2	Bioensaios.....	41
5.3	Análises de microscopia	42
5.4	Extração do RNA total e Sequenciamento Illumina	43
5.5	Análise bioinformática.....	44
6	Resultados.....	45
6.1	Coleção de isolados, identificação, cultivo e preparo do inóculo.....	45
6.2	Bioensaios	46
6.3	Extração de RNA total e sequenciamento Illumina (mRNAseq)	49
6.4	Estatísticas de sequenciamento RNA-Seq	50
6.5	Análise de expressão gênica	51

6.6	Análise de enriquecimento de ontologia de gene	53
6.7	Análise global de genes diferencialmente expressos	56
6.8	Alterações nos DEGs e no transcriptoma durante estresse abiótico	58
6.9	Alterações de DEGS e no transcriptoma durante estresse biótico	59
6.10	Alterações de DEGS e no transcriptoma durante coestresse.....	61
6.11	Análise de abertura estomática por microscopia de varredura.....	63
6.12	Avaliações fisiológicas durante estresses abiótico, biótico e coestresse.....	64
7	Discussão	66
8	Conclusões e perspectivas	74
9	Referências Bibliográficas.....	75
	Anexo	0

Índice de Figuras

Figura 1:	Produção mundial de banana em toneladas.....	15
Figura 2:	Sintomas e conídios das três espécies de <i>Pseudocercospora</i> que compõem o complexo de doenças de Sigatoka em bananeiras.....	19
Figura 3:	Ciclo de vida do <i>Pseudocercospora Musae</i>	22
Figura 4:	Estágios do desenvolvimento das lesões de Sigatoka-amarela em folha de bananeira.....	24
Figura 5:	Esquema mostrando os patógenos e pragas que podem afetar as plantas e os mecanismos por meio de imunidade disparados por DAMPs, MAMPs e PAMPs (PTI) e efetores (ETI) que são ativados na célula nesses casos.....	30
Figura 6:	PRRs envolvidos na imunidade de plantas.....	32
Figura 7:	Diagrama ilustrado as respostas do sistema de defesa vegetal.....	33
Figura 8:	NLRs envolvidos em imunidade vegetal.....	36
Figura 9:	Eletroforese do produto da amplificação da região ITS do rDNA dos seis isolados de <i>P. musae</i>	45
Figura 10:	Plantas de 2 meses de idade (acessos de <i>M. acuminata</i> Calcutta 4 e <i>M. acuminata</i> Princesa), mantido em casa de vegetação.....	47

Figura 11: Plantas de 6 meses de idade (acessos de <i>M. acuminata</i> Princesa), mantidas em Fitotron durante os bioensaios.....	48
Figura 12: Análise da qualidade do RNA feita com bioanalyzer para averiguar a qualidade do RNA extraído.....	50
Figura 13: Diagrama Venn global resumindo numericamente os genes diferencialmente expressos (DEGs) observados em <i>Musa</i> BRS Princesa nos tratamentos de estresse abiótico (Abiotic), estresse biótico (Biotic) e coestresse (Costress) em relação ao grupo controle não estressado.....	52
Figura 14: Diagrama Venn global resumindo numericamente os genes diferencialmente expressos (DEGs) observados em <i>Musa</i> BRS Princesa nos tratamentos de estresse abiótico (<i>Abiotic_Down</i> e <i>Abiotic_Up</i>), estresse biótico (<i>Biotic_Down</i> e <i>Biotic_Up</i>) e coestresse (<i>Co_stress_Down</i> e <i>Co_stress_Up</i>) quando comparados ao controle não estressado.....	53
Figura 15: Análise de dados de enriquecimento de ontologia de genes (GO) para genes diferencialmente expressos (DEGs) em <i>Musa</i> BRS Princesa nos tratamentos de estresse abiótico, estresse biótico e coestresse, em relação ao controle não estressado..	56
Figura 16: Heatmap dos genes diferencialmente expressos em <i>Musa</i> cultivar Princesa em cada tratamento da interação <i>Musa</i> -déficit hídrico- <i>P. musae</i>	57
Figura 17: Microscopia eletrônica de varredura (MEV) mostrando a abertura estomática nas folhas de bananeira. Tecidos dos tratamentos controle (A), estresse abiótico (B), estresse biótico (C) e coestresse (D).	64
Figura 18: Análise fisiológica das plantas ao longo do bioensaio..	65

Índice de Tabelas

Tabela 1: Lista dos 10 maiores produtores de banana.....	14
Tabela 2: Estágios de desenvolvimento das lesões associadas a presença de <i>Pseudocercospora musae</i> (Sigatoka amarela), em bananeira.	23
Tabela 3: Principais cultivares de bananeira difundidas no Brasil e suas características frente às principais doenças da bananicultura brasileira.....	25
Tabela 4: Resumo do delineamento experimental aplicado nos bioensaios para a análise do transcriptoma na interação molecular <i>Musa acuminata</i> – <i>P. musae</i> – estresse hídrico.....	42
Tabela 5: Resultado da análise das sequências dos seis isolados via BLASTN, para as quatro regiões genômicas.....	45

Tabela 6: Quantificação de RNA das amostras foliares com espectros 260/280 e 260/230. ...	49
Tabela 7: Quantificação da extração de RNA aferidas com <i>bioanalyzer</i> e medição de padrão de qualidade RIN.	49
Tabela 8: Sumário dos dados obtidos com <i>Illumina NovaSeq</i> 6000.	51
Tabela 9: Total de genes diferencialmente expressos obtidos a partir de análises do RNA-Seq para os diferentes tratamentos: Abiótico sendo déficit hídrico, biótico sendo desafiado com <i>P. musae</i> e Co-estresse sendo a presença de ambos os estresses concomitantes.	52
Tabela 10: DEGs <i>up-regulated</i> no tratamento de estresse hídrico.	0
Tabela 11: DEGs <i>down-regulated</i> no tratamento de estresse hídrico.	5
Tabela 12: DEGs <i>up-regulated</i> no tratamento infectado por <i>P. musae</i>	7
Tabela 13: DEGs <i>down-regulated</i> no tratamento infectado por <i>P. musae</i>	19
Tabela 14: DEGs <i>up-regulated</i> no tratamento exposto ao coestresse.	21
Tabela 15: DEGs <i>down-regulated</i> no tratamento exposto ao coestresse.	25

Resumo Geral

Musa spp. (Banana) são consumidas ao redor do mundo e com grande importância econômica, principalmente na Ásia e nas Américas, seus maiores produtores. O Brasil foi, em 2018, o 4º maior produtor de tal cultura no mundo, com 6,7 milhões de toneladas. Tal produção encontra entraves na sua cultura devido a problemas fitossanitários, dentre eles, os fungos destacam-se. O gênero *Pseudocercospora*, agente etiológico da Sigatoka Negra e Sigatoka Amarela, causadas, respectivamente, pelos patógenos *P. fijiensis* e *P. musae*, é um dos principais agentes prejudiciais ao cultivo de bananeiras no Brasil, provocando redução de até 50% da produção. Fatores abióticos também possuem um grande impacto na produção anual de banana, podendo causar reduções de mais de 50%. A seca se destaca por afetar um terço de toda terra agricultável, sendo um dos maiores obstáculos para a agricultura global.

Melhoramento genético de *Musa* é apropriado para o desenvolvimento tanto de genótipos resistentes a estresses bióticos como de genótipos tolerantes a estresses abióticos. A reprodução convencional de *Musa* é limitada pelo fato de a cultura ser estéril. Contudo, técnicas moleculares possibilitam um rápido acesso a informações genéticas quanto a resistência contra patógenos ou tolerância à seca presentes em genótipos selvagens, facilitando o entendimento dos mecanismos que podem depois ser integrados aos genomas de cultivares comerciais.

O objetivo geral deste trabalho foi prospectar e caracterizar genes e moléculas envolvidas na resistência a *P. musae* e tolerância à seca em genótipo híbrido de *Musa* BRS Princesa. Para tanto, foram sequenciadas amostras de RNA total foliar de tratamentos controle não estressado, déficit hídrico, infecção por *P. musae* e coestresse para obter-se os transcriptomas globais e os genes diferencialmente expressos (DEGs) durante cada condição.

O RNA-seq de BRS Princesa foi realizado via Illumina Novaseq 6000, com uma média de 25.400 genes mapeados ao genoma de referência de *M. acuminata* ssp. *malaccensis* var. DH-Pahang. Analisando com técnicas de bioinformática, 2.397 genes diferencialmente expressos (DEGs) foram identificados em relação ao controle não estressado, sendo 933 DEGs referentes ao estresse abiótico, 901 DEGs referentes ao estresse biótico e 563 DEGs referentes ao coestresse. Dentre os DEGs mais importantes pode-se listar, como principais, genes ligados a fotossíntese e estresse osmótico no estresse abiótico; genes ligados a fitormônios, PTI e ETI no estresse biótico e genes ligados a fitormônios, controle osmótico e controle de ferro no coestresse. Com isso, este estudo contribui para a elucidação dos

mecanismos de resistência a estresses bióticos e abióticos em *Musa* e beneficiará futuros programas de melhoramento da espécie para a geração de novos genótipos.

Palavras-Chave: *Musa* spp, *Pseudocercospora musae*, DEGs, Sigatoka, RNAseq, estresse hídrico.

Abstract

Musa spp. is an important fruit crop globally, with considerable socio-economic impact, especially in Asia and the Americas, which are the greatest producers. In 2018, Brazil was the fourth greatest producer globally, reaching 6.7 million tons annually. Production is severely affected by certain phytosanitary problems, especially fungi. The genus *Pseudocercospora*, responsible for Black Sigatoka and Yellow Sigatoka, caused, respectively by *P. fijiensis* and *P. musae*, is one of the major constraints to banana production, with these leaf pathogens causing reduction of up to 50% in fruit yield. Abiotic factors also have a great impact on annual yield in affected areas, also potentially causing a reduction of up to 50% in yield. Drought is highlighted because it affects one third of all arable land, being one of the major global agricultural obstacles in the 21st Century.

Genetic modification of *Musa* is appropriate for development of genotypes resistant to both biotic stresses and abiotic stresses. Although conventional reproduction of *Musa* is limited due to crop sterility, molecular techniques offer rapid access to the genetic information and mechanisms involved in pathogen resistance and drought tolerance in wild genotypes, appropriate for introgression into commercial cultivar crop genomes

The objective of this study was to prospect and characterize genes and molecules involved in resistance to *P. musae* and tolerance to drought in the tolerant hybrid genotype *Musa* BRS Princesa. For this, leaf RNA samples were sequenced in four different treatments, namely control, water deficit, *P. musae* infection and cross-stress, to obtain global transcriptomes and identification of the differentially expressed genes (DEGs) in each condition.

RNA-seq was conducted on leaf RNA samples from each treatment in BRS Princesa using Illumina Novaseq 6000 technology, with an average of 25,400 genes mapped for each treatment against the reference *M. acuminata* spp. *malaccensis* var. DH-Pahang genome. Following bioinformatic analysis, a total of 2,397 genes were identified as differentially expressed in relation to non-stressed controls. These comprised 933 DEGs expressed during abiotic stress, 901 DEGs during biotic stress and 563 DEGs during cross-stress with simultaneous biotic and abiotic stresses. Among the more relevant DEGs are genes related to photosynthesis and osmotic stress during abiotic stress, genes related to phytohormones, PTI and ETI during biotic stress and genes related to phytohormones, osmotic control and iron control during cross-stress. In conclusion, this study contributes to the elucidation of

mechanisms involved in resistance to biotic and abiotic stresses in *Musa* and will benefit genetic improvement programs for the development of new and improved genotypes.

Key words: *Musa* spp, *Pseudocercospora musae*, DEGs, Sigatoka, RNAseq, drought stress.

1 Introdução

Estima-se que as culturas alcancem apenas 50% de sua capacidade produtiva quando submetidas a estresses abióticos (HATFIELD & WALTHALL, 2015). Concomitantemente, temos um grande impacto nas culturas advindas de patógenos, sendo esses responsáveis por estresses bióticos que geram perdas significativas na produção, estimando-se que o Brasil perde 9,2 bilhões de reais por ano. (HIRAKURI *et al.*, 2014)

A banana é uma das frutas mais populares e consumidas no mundo, com 137 países produtores e uma produção de mais de 119 milhões de toneladas (FAOSTAT, 2020). Além da sua importância nutricional, visto ser uma fruta rica não só nas vitaminas A, B1, B2 e C, mas também em sais minerais como potássio, fósforo, cálcio e magnésio (Agência de Informações Embrapa, Bananas, 2020), tal cultura apresenta um grande impacto socioeconômico em países tropicais e subtropicais, destacando-se os continentes asiático, americano e africano. No Brasil, temos uma área de aproximadamente 450 mil hectares plantados de bananeiras, dos quais produzem 6,7 milhões de toneladas. Cerca de 99% da produção destina-se ao mercado interno, sendo apenas 1% exportado, equivalente a 64 mil toneladas em 2018. (FAOSTAT, 2020)

As *Musa spp.* são altamente sensíveis à umidade no solo, uma vez que são uma planta hidrófita, sendo a água um fator abiótico limitante para a produção (VANHOVE *et al.*, 2012). Com as mudanças climáticas do século 21, os riscos são ainda maiores, visto que há uma tendência ao aumento das temperaturas e conseqüentemente, um aumento nos períodos de seca (Sawyer, 2008). Um dado alarmante é que, dentre os estresses abióticos, o déficit hídrico afeta um terço de toda terra agricultável, limitando a possibilidade do aumento da produção alimentícia, outro problema alarmante devido ao aumento populacional e os altos índices de desperdício dos alimentos. Dentro desse panorama ainda, cerca de 70% da água potável é usada para irrigação de culturas, porém esse recurso é finito e já vemos sua escassez crescente, com cidades tendo de implementar racionamento deste recurso. Então fica evidente que é só uma questão de tempo para que a água seja disputada e torne-se cada vez mais valiosa, dificultando a irrigação ostensiva. Por tanto, buscar uma agricultura sustentável é chave na criação de uma sociedade equilibrada e saudável socioeconomicamente.

O melhoramento genético de *Musa spp.*, *M. acuminata* e *M. balbisiana*, baseado em técnicas convencionais ou biotecnológicas, possibilita o desenvolvimento de genótipos com características agronômicas desejáveis. No entanto, o melhoramento convencional enfrenta muitas dificuldades devido a reduzida variabilidade genética e reprodução por partenocarpia,

visto que muitas cultivares comerciais são inférteis e não geram sementes, ou quando ocorre, são inviáveis (RAVI *et al.*, 2013). Por tanto, atualmente busca-se uma nova abordagem de melhoramento direcionado, com a modificação de genes específicos e conhecidos a fim de ter uma cultivar mais bem adaptada às adversidades do campo.

Devido essas adversidades, tecnologias genômicas e de sequenciamento, focadas na descoberta de genes de resistência se tornaram essenciais, com a finalidade do melhoramento genético.

Os fungos, principais patógenos das bananeiras, com mais de 40 doenças (JONES, 1999), vêm sendo favorecidos com as mudanças climáticas, facilitando sua incidência (JARAMILLO *et al.*, 2009) e disseminação (LUCK *et al.*, 2011). Três se destacam dentro do gênero *Pseudocercospora* como patógenos foliares, os causadores da Sigatoka amarela (*P. musae*), da Sigatoka negra (*P. fijiensis*) e da mancha foliar eumusae (*P. eumusae*), um dos problemas fitossanitários mais graves da cultura de banana. Na presença desse patógeno, estima-se que há uma perda de 50% a 100% da produção, uma vez que causa deterioração dos frutos, inviabilizando para o comércio. Em disposição geográfica nacional, a Sigatoka negra está mais concentrada na região norte e sul, enquanto a Sigatoka amarela é bem disseminada em todo o território nacional (Montarroyos *et al.*, 2005). Estes patógenos se favorecem de ambientes com temperaturas acima de 23° C e umidade relativa em torno de 80%, e dessa forma, são favorecidos em períodos chuvosos (MOULIOM-PEFOURA *et al.*, 1996).

Frente a esses problemas fitossanitários, a Embrapa desenvolveu a variedade BRS Princesa (AAAB) por meio do cruzamento da cultivar Yanganbi n° 2(AAB) e da M53 (AA), sendo essa resistente às Sigatokas e tolerante ao mal-do-Panamá (*Fusarium oxysporum*) (LÉDO, 2008). Além disso, essa cultivar mostrou-se tolerante ao déficit hídrico, mantendo um melhor manejo da abertura estomática em situações de baixa umidade no solo (SANTOS *et al.*, 2017).

Diante exposto, vê-se a importância do conhecimento dos mecanismos de resistência / tolerância a estresse abiótico e biótico da bananeira no que tange os aspectos socioeconômicos da banana, para assim potencializar sua produção e sua manutenção ao longo dos anos. Portanto, este trabalho tem o objetivo de prospectar genes que influenciam na resistência de *M. acuminata* à *P. musae* e na tolerância ao déficit hídrico na variedade BRS Princesa a fim de implementar em cultivares de interesse comercial.

2 Revisão da Literatura

2.1 Banana e a Bananicultura

A banana é o fruto fresco mais consumido mundialmente, com 119 milhões de toneladas produzidas anualmente, tendo um grande impacto na dieta em países tropicais em desenvolvimento nas regiões da Ásia, América e África (EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA, 2011; FAOSTAT, 2020). A cultura também contribui na melhora nutricional por ser rico não só em vitaminas A, B1, B2 e C, mas também em sais minerais como potássio, fósforo, cálcio e magnésio (Agência de Informações Embrapa, Bananas, 2020).

A bananicultura brasileira é uma produção muito consolidada, ocupando o quarto lugar mundial com 6,7 milhões de toneladas, ficando atrás da Índia, China e Indonésia (Tabela 1 e Figura 1) (FAOSTAT, 2020). Essa produção se destina majoritariamente ao mercado interno, com apenas 1% de sua produção exportada. Sua produção ocorre principalmente por pequenos produtores, por requerer baixo investimento, além de necessitar de baixa manutenção e ser facilmente comercializada (FERREIRA *et al.*, 2016a).

Tabela 1: Lista dos 10 maiores produtores de banana. Produção em toneladas, a área colhida em hectares e o rendimento em quilogramas por hectare (FAOSTAT, 2020).

Rank	País	Produção (t)	Área Colhida (ha)	Rendimento (kg/ha)
1	Índia	30.808.000	884.000	34.851
2	China	11.577.938	383.216	30.213
3	Indonésia	7.264.383	120.408	60.331
4	Brasil	6.752.171	449.284	15.029
5	Equador	6.505.635	161.583	40.262
6	Filipinas	6.144.374	484.247	12.689
7	Guatemala	4.026.547	80.754	49.862
8	Colômbia	3.707.152	131.260	28.243
9	Angola	3.492.184	123.017	28.388
10	Tanzânia	3.469.091	490.701	7.070
Total		83.747.475	3.308.470	306.938

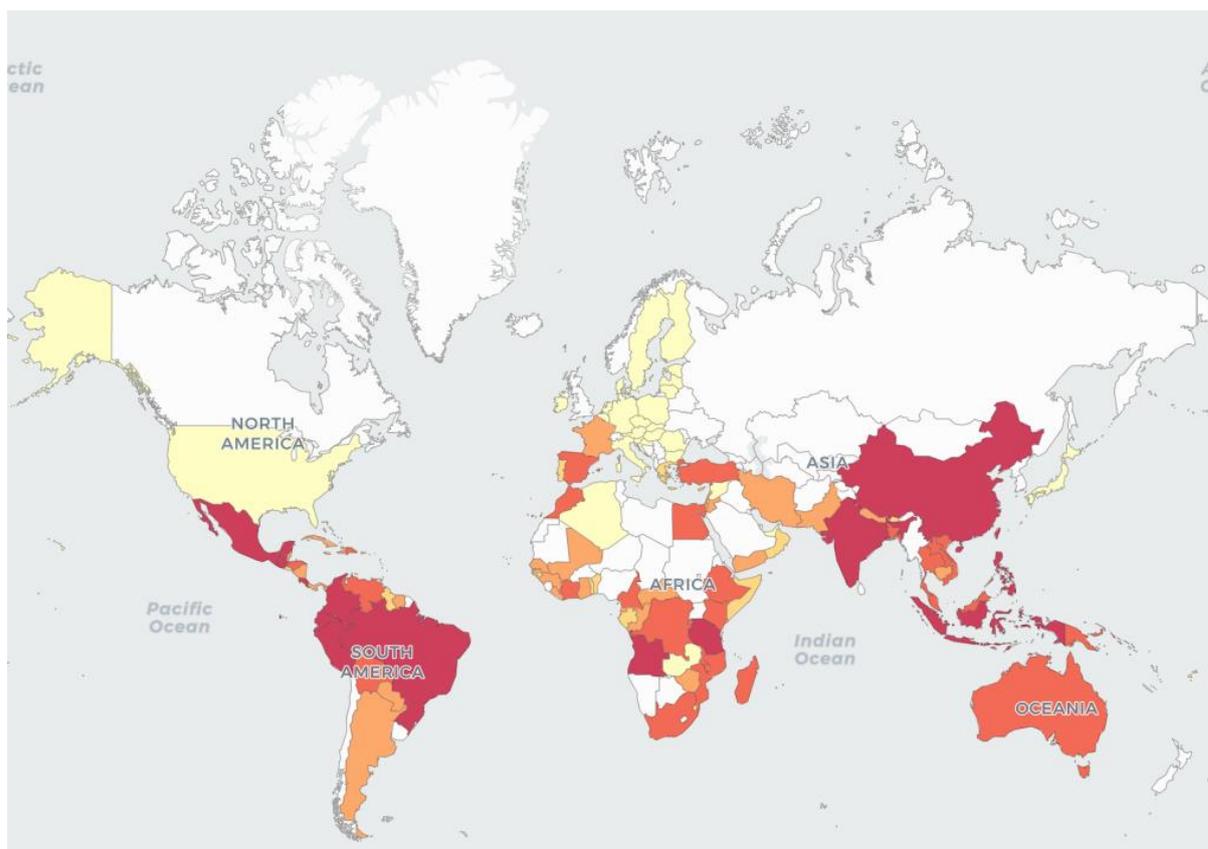


Figura 1: Produção mundial de banana em toneladas. Países coloridos em gradiente de cores quentes, quanto mais vermelho, maior a produção (FAOSTAT, 2020).

No Brasil, destacam-se as regiões Sudeste e Nordeste com 35% e 34% da produção de bananas, sendo São Paulo e Bahia os estados com maior produção, com produção de aproximadamente 1 milhão de toneladas cada (IBGE, 2022). Comercialmente, existem quatro subgrupos principais de variedades de bananeira: Prata, Maçã, Cavendish e Terra, os quais contam com um ou mais cultivares, sendo que os mais difundidos no Brasil são, ‘Prata’, ‘Pacovan’, ‘Prata Anã’, ‘Maçã’, ‘Mysore’, ‘Terra’ e ‘D’Angola’, do grupo AAB, e ‘Nanica’, ‘Nanicão’ e ‘Grande Naine’ do grupo AAA (BORGES; SOUZA, 2004).

Economicamente, a bananicultura movimentou, em 2017, aproximadamente 22 bilhões de reais mundialmente, sendo o Brasil responsável por 4 bilhões de reais. O mercado mostra uma alta demanda de exportação de bananas, sendo os cinco maiores importadores de bananas Estados Unidos, China, Rússia, Alemanha e Países Baixos, importando aproximadamente 10 milhões de toneladas em 2020. Nesse mesmo período, o Brasil conseguiu exportar apenas 83 mil toneladas, mostrando o potencial de crescimento desse mercado. Nesse período de 2020, o preço médio da tonelada de banana estava sendo vendido a 252 dólares, preço superior ao do arroz, do milho e do abacaxi (FAOSTAT, 2020).

2.2 Taxonomia do gênero *Musa*

A Bananeira é uma planta monocotiledônea, monocárpica, herbácea, perene e hidrófita classificada na classe Magnoliopsida, ordem Zingiberales, família Musaceae e ao gênero *Musa*. Dentro da família Musaceae existem três subfamílias Musoideae, Strelitzioideae e Heliconioideae. *Musa*, assim como *Ensete*, sendo pertencentes a subfamília Musoideae. O gênero *Musa* também é dividido nos subgêneros *Musa* e *Callimusa* (HÄKKINEN, 2013).

No fim da década de 40, o gênero *Musa* era subdividido, considerando o número de cromossomos e morfologias, em quatro subgêneros, *Eumusa* (n=11), *Rhodochlamys* (n=11), *Australimusa* (n=10) e *Callimusa* (n=10) (CHEESMAN, 1947). Entretanto, em 1976, foi criado o subgênero *Ingentimusa* para classificar uma única espécie, *Musa ingens*, por não se enquadrar nos grupos anteriores, uma vez que possui apenas 7 pares de cromossomos. Dessa forma, uma reavaliação da taxonomia de *Musa* ocorreu com a ajuda de análises moleculares, estabelecendo a existência de apenas dois subgêneros, *Musa* e *Callimusa*. Atualmente, o gênero *Musa* conta com cerca de 73 espécies e mais de 500 cultivares (GOGOI; BORAH, 2013).

Evidências apontam que *Musa* começou a ser domesticada há cerca de 11 mil anos e foi disseminada pelas migrações humanas. Nesse processo, a banana selvagem tornou-se comestível por perder suas sementes e ter um maior desenvolvimento do fruto, tendo uma mudança no seu método de reprodução que passou a ser por partenocarpia (PERRIER *et al.*, 2011).

Com seu centro de origem no sudeste asiático e oeste do Pacífico, a bananeira é encontrada naturalmente na China, Austrália, Himalaia, Filipinas e África, nas zonas de clima tropical, entre 15°N e 15°S de latitude. Nessa região ainda é possível encontrar a banana selvagem com sementes. Já para o cultivo, a banana consegue se adaptar bem em climas tropicais e subtropicais (JOE; SABU, 2016)

Quanto ao genótipo, a maioria das bananas comestíveis são originárias do cruzamento de duas espécies selvagens seminíferas, a *Musa acuminata* (genoma A) e a *Musa balbisiana* (genoma B), resultando em plantas diploides (AA e AB), triploides (AAA, AAB, ABB) e tetraploides (AABB, AAAB, ABBB) estéreis (SIMMONDS & SHEPHERD, 1955).

2.3 Déficit hídrico

Problemas com irrigação e déficit hídrico são fatores limitantes na produção alimentícia, afetando um terço de toda terra agricultável no mundo. Estima-se que as culturas

alcancem apenas 50% de sua capacidade produtiva quando submetidas a estresses abióticos, mostrando o quão limitante esse fator pode ser (HATFIELD & WALTHALL, 2015).

Quando expostas a uma redução na disponibilidade de água, as plantas desencadeiam várias respostas fisiológicas. A curto prazo, a planta reage fechando seus estômatos para evitar a transpiração, porém isso reduz a disponibilidade de dióxido de carbono, provocando uma *down* regulação dos genes ligados a fotossíntese e conseqüentemente reduzindo a assimilação de carbono, o que restringe o crescimento e a produtividade da planta. A longo prazo, a planta investe no crescimento radicular aumentando sua razão raiz/parte aérea, aumenta sua capacidade de retenção de água em seus tecidos e aumenta a espessura da cutícula (VERSLUES *et al.*, 2006).

Sobre condições de estresse hídrico, ocorre um acúmulo de espécies reativas de oxigênio (ROS) devido ao aumento de fotorrespiração, sendo tóxico para as células, levando à morte celular. Uma das principais respostas da planta é evitar o baixo potencial hídrico (Ψ_w), uma vez que com baixo Ψ_w , o potencial osmótico (Ψ_s) é reduzido e a planta não consegue absorver água por suas raízes. Para manter seu Ψ_w em um nível estável, a planta se adapta para balancear sua transpiração e sua captação de água a fim de que ambos mantenham se iguais, mantendo os níveis de água estáveis (ZHANG *et al.*, 1999; VERSLUES *et al.*, 2006).

A *Musa spp.* é altamente sensível à umidade no solo, uma vez que é uma planta hidrófita, dessa forma, a falta de água torna-se fator abiótico limitante para a produção (VANHOVE *et al.*, 2012). Quanto à resistência à seca, sabe-se que o genótipo “B”, de *Musa balbisiana*, desenvolve melhor em condições de estresse hídrico do que as de genótipo “A”, de *Musa acuminata* (RAVI *et al.*, 2013).

Com as mudanças climáticas no século 21, os riscos são ainda maiores, visto que há uma tendência ao aumento das temperaturas e conseqüentemente, um aumento nos períodos de seca (SAWYER, 2008). Dentro desse panorama ainda, cerca de 70% da água potável é usada para irrigação de culturas, porém esse recurso é finito e sinais de sua escassez são evidentes, com cidades implementando racionamento deste recurso.

2.4 Problemas fitossanitários

Além dos fatores abióticos citados anteriormente, a bananicultura também enfrenta ataque de pragas, doenças causadas por vírus, bactérias, fungos e nematoides. Tais problemas fitossanitários podem causar perdas na produção de 50 a 100%, além de arriscar a sobrevivência da plantação (AGARWAL *et al.*, 2006).

No Brasil, os principais vírus que afetam a bananicultura são o *Cucumber Mosaic Virus* (CMV) e o *Banana Streak Virus* (BSV), que afetam majoritariamente as folhas de bananeira, podendo acarretar até em necrose da mesma, causando um grande impacto na produção.

Dentre as doenças bacterianas, o moko ou murcha bacteriana causa prejuízos em escala mundial, podendo levar a perda total da plantação (ÁLVAREZ *et al.*, 2015). Tendo como causa a *Ralstonia solanacearum* (*Pseudomonas solanacearum*) raça 2, o moko afeta principalmente o sistema vascular da planta e conseqüentemente atinge todos os órgãos da planta.

Quanto a nematoides, o mais significativo nas culturas de banana é o *Radopholus similis*, conhecido popularmente por nematoide cavernícola, que ataca as raízes e rizomas causando grandes áreas necróticas de coloração avermelhada, uma vez que esses se alimentam do citoplasma e as vezes do núcleo das células corticais, quando em quadro avançado, leva ao tombamento da bananeira que fica sem sustentação de suas raízes (SILVA *et al.*, 2013).

E outro grande problema fitossanitário e foco deste trabalho são os fungos. São conhecidas mais de 10 mil espécies de fungos capazes de causar doenças em plantas (AGRIOS, 2005). Para a bananicultura, os patógenos fúngicos são os agentes infecciosos mais impactantes, responsáveis por diversas patologias de pré e pós-colheita. As principais doenças na plantação de banana são a Sigatoka-amarela, causada pelo agente etiológico *Pseudocercospora musae*, a Sigatoka-negra, causada pelo agente etiológico *Pseudocercospora fijiensis*, e o mal-do-Panamá, causado pelo agente etiológico *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (AMORIM *et al.*, 2016). O mal-do-Panamá é bem disseminado no mundo todo e já é considerado uma pandemia, oferecendo grandes riscos a bananicultura e podendo levar até a extinção de algumas cultivares de banana suscetíveis. Desdobrar a informação sobre raça tropical TR4 que já quebrou a resistência no Cavendish subgrupo e disseminação de Asia para Australia, Africa, Oriente media e America do Sul – ler os artigos sobre isso para resumir em um paragrafo

2.4.1 Doenças de Sigatoka

O conjunto de doenças da classe Sigatoka são as mais graves e causam grandes perdas na plantação de bananeiras. Responsáveis por reduzir a produtividade, crescimento e qualidade dos frutos, uma vez que afetam a capacidade fotossintética com as manchas foliares que progridem para uma necrose de boa parte da área foliar da bananeira (CORDEIRO, 2016). As Sigatokas são compreendidas pelo gênero *Pseudocercospora*, em especial três fungos com alta relação filogenética: *P. eumusae*, *P. fijiensis* e *P. musae*, e, conseqüentemente, esses patógenos possuem sintomas semelhantes, o que dificulta sua identificação (Figura 2). A nomenclatura foi atualizada recentemente, sendo utilizado o nome *Mycosphaerella musicola* anteriormente (CHANG *et al.*, 2016).

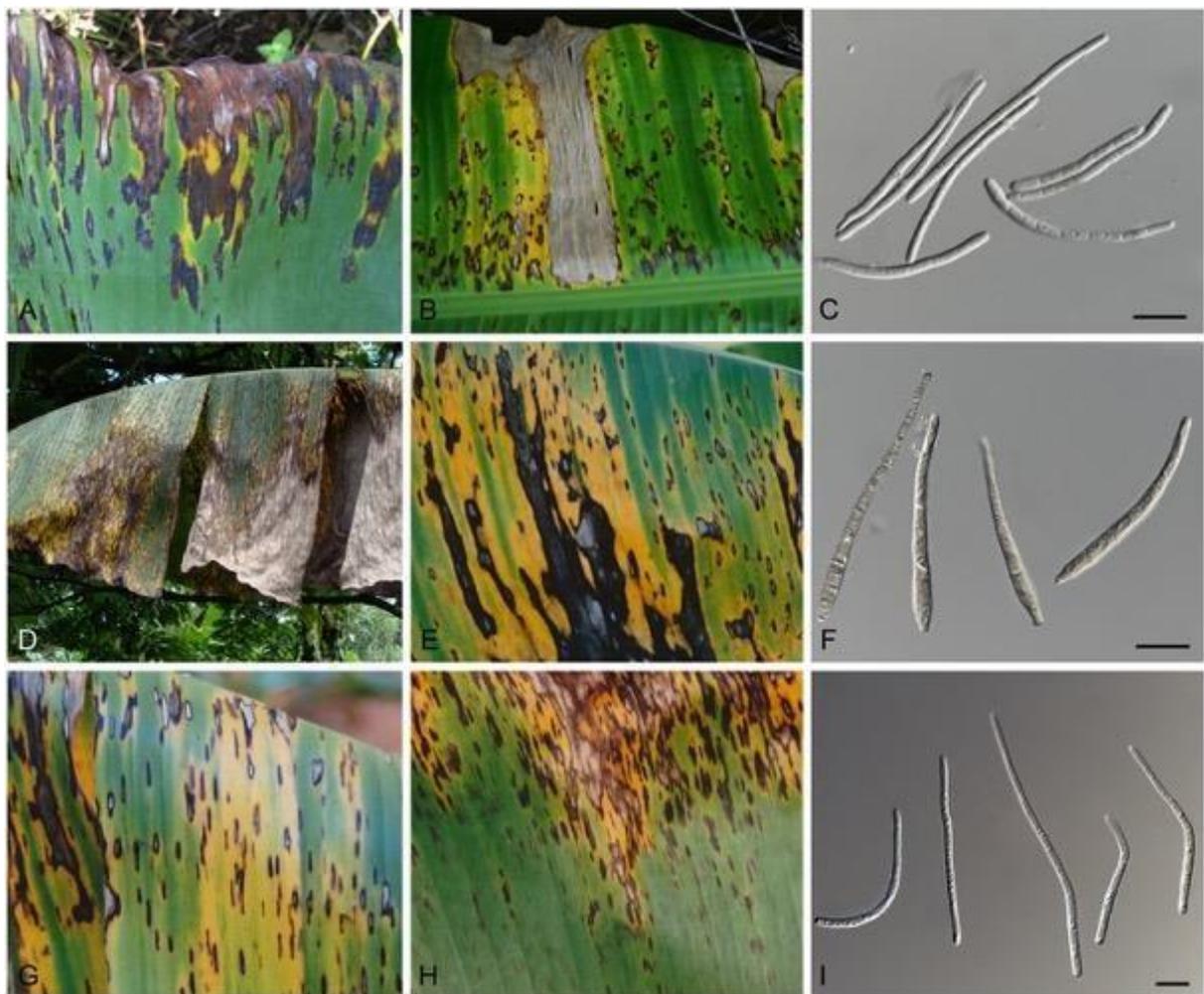


Figura 2: Sintomas e conídios das três espécies de *Pseudocercospora* que compõem o complexo de doenças de Sigatoka em bananeiras. A-C. Sintomas foliares e conídios de *P. eumusae*. D-F. Sintomas foliares e conídios de *P. fijiensis*. G-I. Sintomas foliares e conídios de *P. musae*. Barras = 10 μ m (CHANG *et al.*, 2016).

2.4.1.1 Sintomatologia da Sigatoka-amarela

Dentre as principais doenças que acometem a bananicultura Brasileira, está a Sigatoka-amarela, também conhecida como mal-de-Sigatoka, causada pelo fungo *Pseudocercospora musae*. O primeiro registro desta doença, data de 1902, na Ilha de Java, e desde então a doença vem se disseminando para as regiões produtoras (MOURICHON *et al.*, 1997).

A primeira evidência relatada do mal-da-Sigatoka no Brasil foi em 1944, no estado do Amazonas, que desde então, disseminou-se por todo território nacional, tornando-se um grave problema principalmente nos estados e regiões com grandes plantios de banana (BORGES *et al.*, 2006).

Este patógeno se favorece de ambientes com temperaturas acima de 23° C e umidade relativa em torno de 80%, com crescimento significativo em períodos chuvosos e quente, condições características do verão brasileiro, uma vez que tais condições são favoráveis a produção e dispersão de esporos (MOULIOM-PEFOURA *et al.*, 1996).

O *P. musae* é um fungo ascomiceto, hemibiotrófico e pode produzir três tipos de frutificação nas folhas sintomáticas: espermogônios, esporodóquios e pseudotécios (STOVER, 1980). Pode apresentar dois tipos de esporos nas infecções, os ascósporos que são produzidos de forma sexuada e os conídios que são produzidos de forma assexuada. Os ascósporos são responsáveis pelo aumento na intensidade da doença, presente nas folhas necróticas e produzidos tardiamente. Sua dispersão ocorre pelo vento e pode alcançar uma distância de 50 quilômetros da planta hospedeira (AGRIOS, 2005; STOVER, 1980).

A Sigatoka-amarela afeta principalmente a face superior das folhas das bananeiras infectadas. A sintomatologia passa por várias etapas de desenvolvimento nas manchas foliares, começando com estrias delgadas e despigmentadas entre as nervuras da face adaxial das folhas, que evoluem para lesões elípticas com centro necrosado e bordas regulares, acompanhadas por um halo amarelo (MEREDITH; LAWRENCE, 1969). Quando em estágio avançado, ocorre a coalescência das lesões, havendo uma necrose de grande parte do limbo foliar, o que resulta na morte precoce das folhas e conseqüentemente, enfraquece a planta (SIMMONDS, 1966).

O evento de infecção por *P. musae* tem início na germinação dos esporos na face abaxial das folhas de bananeira, que leva em torno de 12 a 36 horas. Os tubos germinativos se desenvolvem e penetram os estômatos após 4 a 6 dias de inoculação (DAI). Com 36 DAI, é observado a colonização do parênquima esponjoso e, aos 50 DAI, do parênquima paliçádico.

Quando a infecção está bem estabelecida, com mais de 50 DAI, as hifas emergem dos estômatos na região da lesão, na face adaxial foliar, formando os conidióforos em forma de esporodóquios (FREITAS *et al.*, 2017). Mais tardiamente, na mesma região de lesão necrótica, surgem os pseudotécios. Os ascósporos são liberados na presença de um filme de água na superfície foliar, ocorrendo principalmente durante a madrugada com a presença do orvalho (Figura 3 e 4 e Tabela 2) (SIMMONDS, 1966).

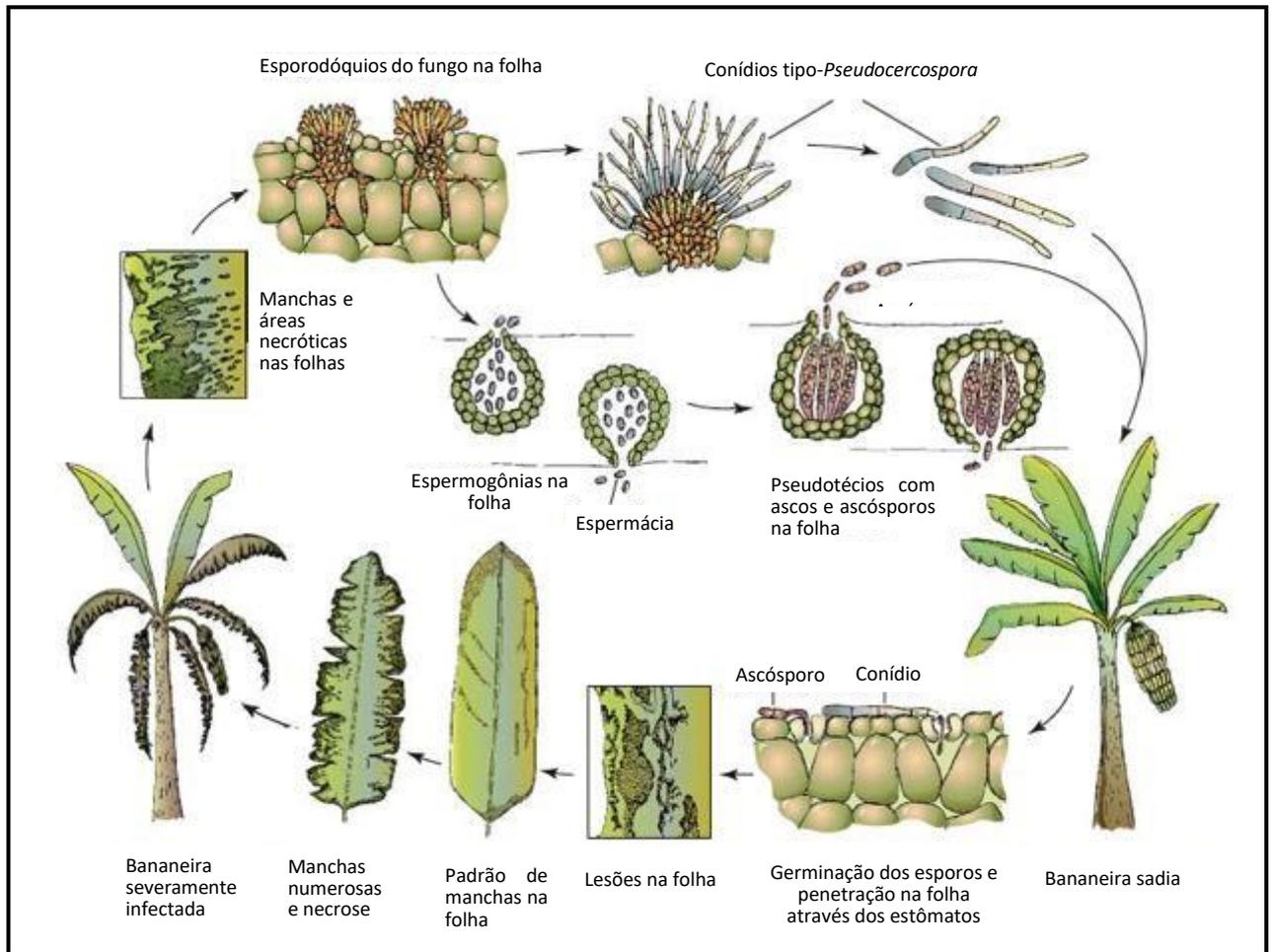


Figura 3: Ciclo de vida do *Pseudocercospora Musae*. Agente causador da Sigatoka-amarela, em bananeira (AGRIOS, 2005).

Tabela 2: Estágios de desenvolvimento das lesões associadas a presença de *Pseudocercospora musae* (Sigatoka amarela), em bananeira (FREITAS *et al.*, 2017).

Estágio da lesão	Descrição do sintoma
Estágio 1.	Pequena descoloração ou despigmentação em forma de estria ou de pontuação, de até 1mm de comprimento, na face adaxial da folha, que pode ocorrer após aproximadamente 36 dias de infecção
Estágio 2.	Estrias amareladas apresentando vários milímetros de comprimento
Estágio 3.	A estria apresenta leve dilatação, aumenta de tamanho e o centro torna-se de cor vermelho-amarronzada
Estágio 4.	A mancha apresenta forma oval alongada, cor levemente marrom, com contornos mal definidos
Estágio 5.	Mancha marrom-escura com centro deprimido, cercada por um halo amarelo. Fase de esporulação mais intensa (conídios), que ocorre com cerca de 50 dias após infecção
Estágio 6.	Fase final do desenvolvimento da mancha, de cor cinza com centro deprimido e necrosado, com borda marrom-escura a preta bem definida, visível mesmo após a necrose foliar, e halo amarelo

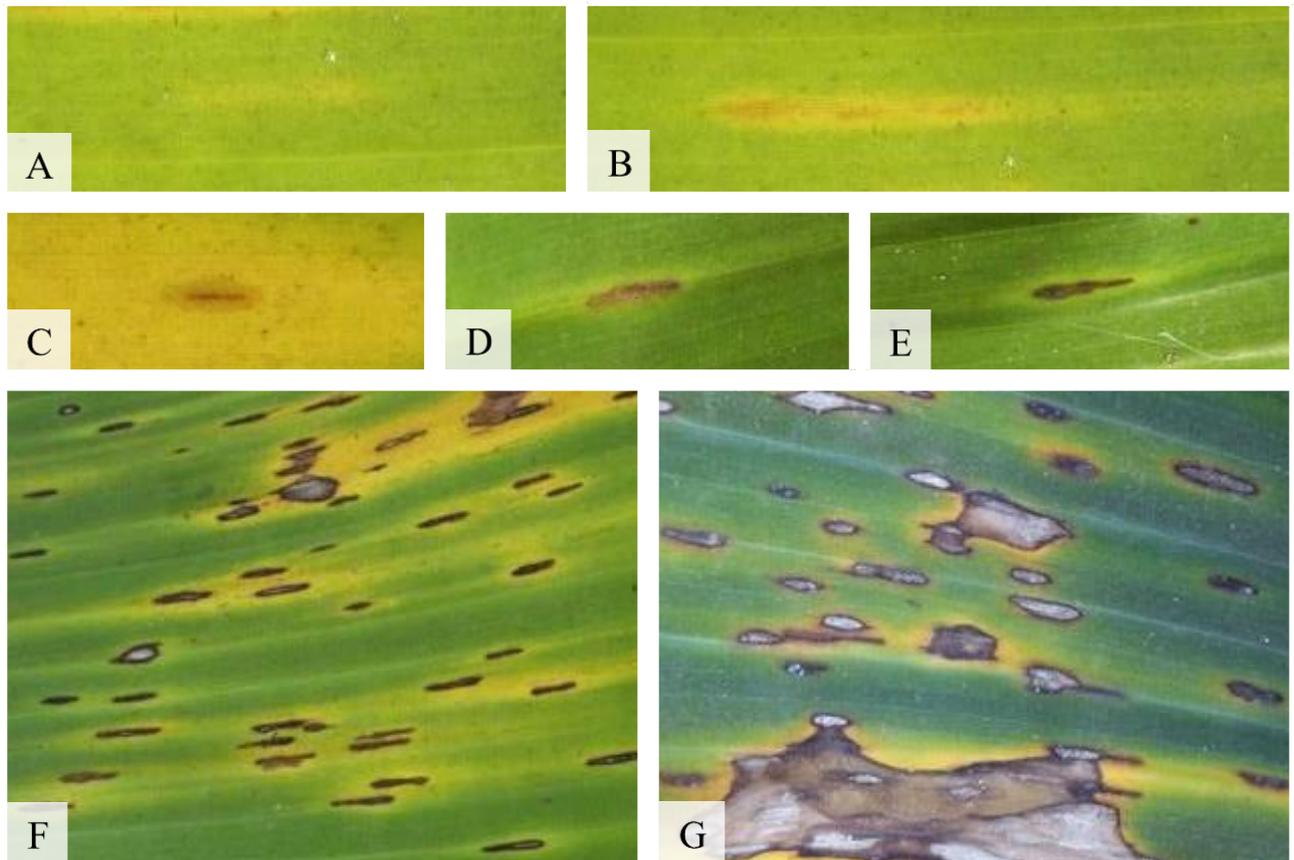


Figura 4: Estágios do desenvolvimento das lesões de Sigatoka-amarela em folha de bananeira. Causada por *Pseudocercospora musae*. Início dos sintomas com estria amarelada (A). Estria apresentando o centro de cor vermelho-amarronzada (B e C). Mancha de forma oval alongada, de cor marrom, cercada por halo amarelo (D e E). Folha exibindo lesões em vários estágios de desenvolvimento (F). Folha com lesões coalescentes, em fase final do desenvolvimento, de coloração cinza, com o centro seco, onde estão presentes os esporodóquios do patógeno (G).

2.4.1.2 Controle da Sigatoka-amarela

O controle do mal-de-Sigatoka dá-se com o uso de fungicidas de contato e sistêmicos, imprescindíveis nas cultivares suscetíveis. O mais utilizado são os inibidores de demetilação (DMIs e azoles) (BRITO; FRAAIJE; MILLER, 2015). Para o controle adequado, é necessária a aplicação semanal de fungicidas durante a fase de crescimento da planta. Esse processo pode chegar a mais de 50 aplicações anualmente, dependendo do grau de infecção e da variedade cultivada (WILLEMSE, 1998).

Dessa forma, tal processo também agrega altos custos a produção e é responsável por um acréscimo de 25 a 30 por cento no custo total. Isso gera um grande impacto econômico, principalmente para os pequenos produtores (MARÍN *et al.*, 2003).

O uso exacerbado desses agroquímicos, oferece risco para os trabalhadores da plantação e para o meio ambiente, contaminando os corpos de água da região, além de favorecer a seleção de patógenos resistentes (FRIESEN, 2016). A ocorrência de linhagens de *P. musae* tolerantes as classes de fungicidas tebuconazole, triadimenol, triadimenol e cyproconazole, é uma evidência dos impactos do uso desenfreado de fungicidas no campo (BRITO, 2015).

Devido a todos esses impactos, é importante a busca de métodos alternativos para manejar a bananicultura. A melhor abordagem para esse problema é a utilização de cultivares resistentes, obtidas por seleção do *pool* gênico existente nas cultivares de banana ou pelo melhoramento genético focando genes candidatos específicos com ações conhecidas e desejadas (AMORIM *et al.*, 2016; CORDEIRO; KIMATI, 1997).

2.5 Melhoramento genético em *Musa*

As bananeiras do gênero *Musa* que produzem frutos são da espécie *M. acuminata* ou descendentes de cruzamento dessa espécie com a espécie *M. balbisiana*, podendo ser diploides, triploides ou tetraploides. Além disso, existe uma extensa lista de cultivares, cada uma com sua característica de interesse, seja pelas suas características organolépticas, seja pelas suas resistências e tolerâncias (Tabela 3) (SILVA; SANTOS-SEREJO; CORDEIRO, 2004).

O Brasil apresenta uma ampla diversidade de cultivares, porém poucas delas apresentam potencial para produção em larga escala por não possuírem resistências a estresses bióticos e abióticos, alta produtividade ou que atenda a preferência dos consumidores. A variabilidade genética de maior importância é encontrada entre as diversas formas selvagens de *M. acuminata* e nas cultivares que apresentam o genótipo AA, visto essas apresentarem uma grande variedade morfológica.

Essa diversidade genética presente em *Musa*, não pode ser desprezada. Como primeira etapa para o desenvolvimento de cultivares geneticamente melhoradas, tem-se a avaliação de germoplasma, o qual depende da conservação e introdução de recursos genéticos (SANTOS-SEREJO *et al.*, 2016). Para que um banco de germoplasma seja feito de forma eficiente, deve-se conservar perpetuamente coleções *ex situ*, *in situ* e *on farm* (MUSANET, 2016).

Tabela 3: Principais cultivares de bananeira difundidas no Brasil e suas características frente às principais doenças da bananicultura brasileira (CORDEIRO; MATOS; HADDAD, 2016).

Variedade	Característica					
	GG	SA	SN	MP	MK	NM

Prata	AAB	S	AS	S	S	R
Pacovan	AAB	S	AS	S	S	R
Prata Anã	AAB	S	AS	S	S	R
Maçã	AAB	MS	AS	AS	S	R
Mysore	AAB	R	R	R	S	R
Terra	AAB	R	S	R	S	S
D'Angola	AAB	R	S	R	S	S
Nanica	AAA	S	AS	R	S	S
Nanicão	AAA	S	AS	R	S	S
Grande Naine	AAA	S	AS	R	S	S

Legenda: GG: grupo genômico; SA: Sigatoka-amarela; SN: Sigatoka-negra; MP: mal-do-Panamá; MK: moko; NM: nematoides dos gêneros *Radopholus*, *Meloidogyne* spp. e *Helicotylenchus*; S: suscetível; AS: altamente suscetível; MS: moderadamente suscetível; R: resistente.

Os primeiros programas de melhoramento de *Musa* surgiram na década de 20, desenvolvendo cultivares resistentes a pragas e doenças. Outro foco desses trabalhos era o aprimoramento de novas cultivares com maior qualidade do fruto, produtividade elevada, produção de frutos mais cedo, sistema radicular mais resistente e maior eficiência na utilização de água e nutrientes presentes no solo (MUSANET, 2016).

A Embrapa iniciou um Programa de Melhoramento de Bananeira (PMGB) em 1976, mesma data da criação de sua coleção de germoplasma. Neste programa, são utilizadas diferentes estratégias para o desenvolvimento de cultivares como cruzamento de triploides com diploides selvagens ou melhorados; cruzamento de tetraploides com diploides selvagens ou melhorados; duplicação de cromossomos em diploides superiores e indução de mutação (PESTANA *et al.*, 2011). Bananas cultivadas no Brasil como Prata-Anã e Pacovan, foram recomendadas pela Embrapa por meio da seleção de genótipos em sua coleção de germoplasma (ALVES *et al.*, 1985).

Desse programa surgiu a cultivar BRS Princesa, um híbrido tetraploide (AAAB), gerado na Embrapa Mandioca e Fruticultura Tropical, pelo cruzamento da cultivar triploide Yanganbi n° 2 (AAB) com a diploide M53(AA). Essa cultivar tem como propósito atender a demanda pela cultivar Maçã, escassa no mercado devido sua suscetibilidade ao mal-do-Panamá e à seca (EMBRAPA MANDIOCA E FRUTICULTURA TROPICAL, 2008).

Entretanto, melhoramentos convencionais são limitados em *Musa*, pelo fato de a maioria das cultivares comerciais serem estéreis, possuírem diferentes ploidias e por produzirem frutos sem sementes ou com sementes não viáveis (SILVA *et al.*, 2013). Além de

essas variedades possuem restrição em sua variação gênica, uma vez que são geradas, principalmente, por reprodução vegetativa assexuada.

Com as novas ferramentas de engenharia genética, biologia molecular e cultura de tecidos, essas barreiras podem ser superadas, de modo a concentrar em um mesmo genótipo o maior número de características favoráveis possível (TRIPATHI, 2003). O desenvolvimento a partir dessas novas estratégias de melhoramento de plantas é dependente das informações gênicas disponíveis. Isso evidencia a importância do estudo e da caracterização de genes nas cultivares de interesse (FERREIRA *et al.*, 2016b).

A tecnologia de sequenciamento Illumina, é uma ferramenta que revolucionou essa área de pesquisa por permitir gerar uma grande quantidade de dados sobre genomas e transcriptomas em um curto espaço de tempo (REUTER *et al.*, 2015). Assim como a disponibilização das sequências de genomas de referência como o *M. acuminata* DH-Pahang, um genoma completo, sequenciado com 35.276 genes. Esse genoma faz parte do *Banana Genome Hub*, um projeto francês da *South green* que tem como objetivo a análise bioinformática de genes e genomas de plantas tropicais e mediterrâneas (SOUTH GREEN, 2013). Outros genomas de banana também foram sequenciados como *M. acuminata* Banksii, *M. acuminata* Maia oa, *M. acuminata* Calcutta 4, *M. balbisiana* DH-PKW, *M. balbisiana* PKW), *M. itinerans* Yunnan banana e *M. schizocarpa* Schizocarpa (BANANA GENOME HUB, 2021). Todos esses dados de bioinformática facilitam a identificação de genes responsáveis por características desejáveis comercialmente (D'HONT *et al.*, 2012).

Esse avanço tecnológico possibilitou também o surgimento de ferramentas capazes de avaliar os níveis de expressão gênica com base no genoma de referência, como o RNAseq. Com essa técnica é possível analisar o conjunto de transcritos de uma célula, incluindo RNA mensageiro (mRNA), RNA não codificador (ncRNA) e microRNA (miRNA) (WANG *et al.*, 2009). A compreensão do transcriptoma e da forma como a expressão gênica é modulada, torna-se essencial para elucidar os mecanismos envolvidos nas resistências e tolerâncias de plantas a estresses abióticos e bióticos. Isso abre possibilidades para futuras estratégias de melhoramento genético específicas com a inserção de genes de interesse (SILVA *et al.*, 2013)

Nesse âmbito, pesquisas com o objetivo de analisar a expressão diferencial de genes (DEGs) durante interações planta-patógeno e condições ambientais, vêm crescendo e gerando um grande impacto no entendimento dos mecanismos envolvidos nessas interações. Em relação a *Musa*, dados de transcriptoma estão, continuamente, sendo gerados relatando a interação desta com importantes fitopatógenos, como o nematoide *Meloidogyne incognita* (CASTAÑEDA *et al.*, 2017) e os fungos *Fusarium oxysporum* f. sp. *cubense* (BAI *et al.*,

2013; LI, C, 2012; LI, W, 2019; WANG *et al.*, 2017), *Pseudocercospora fijiensis* (MILLER *et al.*, 2011; NOAR *et al.*, 2016) e *P. musae* (PASSOS *et al.*, 2013b).

2.6 Mecanismos de tolerância a seca em plantas

Condições de déficit hídrico causam disfunção na homeostase osmótica e iônica das células vegetais, resultando na produção de espécies reativas de oxigênio (ROS) e acúmulo de radicais livres, acarretando na peroxidação de lipídeos, danos a membrana plasmática, inativação de enzimas e afetando a viabilidade celular (BARTELS *et al.*, 2005).

Respostas moleculares a estresse abiótico consistem na percepção de desbalanços e sua subsequente transdução de sinal, expressão gênica e mudanças metabólicas, tentando restabelecer a homeostase celular. Também é estabelecido que na tolerância à seca, ocorre um evento com a ação organizada de vários genes (WANG *et al.*, 2003).

Os genes ativados a nível transcricional em resposta ao estresse abiótico, podem conferir tolerância ao estresse produzindo metabólitos essenciais e reprimindo genes. Genes que normalmente estão envolvidos, sendo silenciados ou ativados, durante o estresse osmótico, são classificados como responsivos ao estresse osmótico (OR) e seus produtos são classificados em dois grupos (BONERT *et al.*, 2001). O primeiro sendo genes que codificam proteínas que defendem a célula dos efeitos do déficit hídrico, principalmente aquelas que regulam a acumulação de solutos, transportadores passivos e ativos na membrana e proteínas que estabilizam e protegem as estruturas celulares dos danos causados por espécies reativas de oxigênio (ROS). O segundo sendo proteínas que regulam a transdução do sinal do estresse e alteram a expressão gênica. Abrangendo fatores de transcrição como proteínas quinases, proteínas fosfatases e proteinases relacionados a regulação da sinalização do estresse e da expressão gênica (FOWLER *et al.*, 2002; SEKI *et al.* 2002).

O fechamento dos estômatos já é bem caracterizado como um sistema modelo na resposta a estresse hídrico, sendo o estresse osmótico prevenido com a minimização da perda de água pelos estômatos e pela cutícula da planta, além de aumentar o aporte de água nas raízes. Esse processo de fechamento estomático pode ocorrer de forma passiva com a perda de água das células guarda, ou ativamente com fluxos de íons, aumentando a pressão osmótica nas células guarda e conseqüentemente levando a perda de água. No fechamento estomático íon dependente, os íons Ca^{2+} agem como sinalizadores se ligando a proteínas ligantes a cálcio, essas não têm ação enzimática, apenas mudando sua conformação de forma dependente de cálcio. Essas proteínas sensoriais interagem com seus respectivos ligantes e iniciam uma

cascata de fosforilação que tem como alvo fatores de transcrição que controlam os principais genes responsivos ao estresse (FOWLER *et al.*, 2002).

Fosfoinosítídeos (IP) funcionam como sinalizadores elevando a concentração de Ca^{2+} no citoplasma de células guarda. A elevação da concentração de IP causa a mobilização de íons cálcio e essa elevação ocorre de acordo com estresses hiperosmóticos. Moléculas sinalizadoras como Inositol 1,4,5-trifosfato (IP3) são produzidas pela dinâmica de fosfolípídios de membrana. A fosfolipase C (PLC) catalisa a hidrólise de fosfatidilinositol 4,5-trifosfato (PIP2) em diacilglicerol (DAG) e IP3. IP3 age como mensageiro secundário, liberando Ca^{2+} dos armazenamentos internos (MAHAJAN *et al.*, 2005).

As mudanças induzidas por estresses geradas pelas cascatas de sinalização anteriores podem participar na produção de fitormônios como ácido abscísico (ABA), ácido salicílico (SA) e etileno. Esses hormônios podem amplificar a sinalização inicial, mas também podem iniciar uma segunda onda de sinalização que pode usar as mesmas vias que a sinalização inicial ou outras vias não dependentes da primeira (MAHAJAN *et al.*, 2005).

O pH citoplasmático pode agir como mensageiro secundário na via ABA dependente nas células guarda, funcionando numa via Ca^{2+} independente. Já o nível de endógeno de ABA é provocado no sistema da planta em resposta a diversos estresses, principalmente pela indução de genes codificam enzimas responsáveis pela produção de ácido abscísico a partir de β -caroteno (ROYCHOUDHURY *et al.*, 2012).

Várias vias de estresses e vias de ABA compartilham elementos na sinalização, havendo uma interação entre esses elementos para manter a homeostase da planta. O ácido abscísico controla muitos mecanismos de adaptação a estresses, ativando genes de resposta a estresse osmótico responsáveis pelo ajuste osmótico, ajudando a limitar a taxa de transpiração e controlando o murchamento, reduzindo a perda de água da planta (AGARWAL *et al.*, 2010).

2.7 Imunidade vegetal

As plantas são expostas a diversas condições ambientais complexas, e muitas vezes acabam sendo desafiadas por diferentes estresses bióticos (vírus, bactérias, fungos, oomicetos, nematóides, insetos) e abióticos (déficit hídrico, alta salinidade, alta exposição à UV, variação de temperatura). Por isso, para garantir sua sobrevivência, desenvolveram ao longo de sua evolução mecanismos de defesa contra os agentes externos.

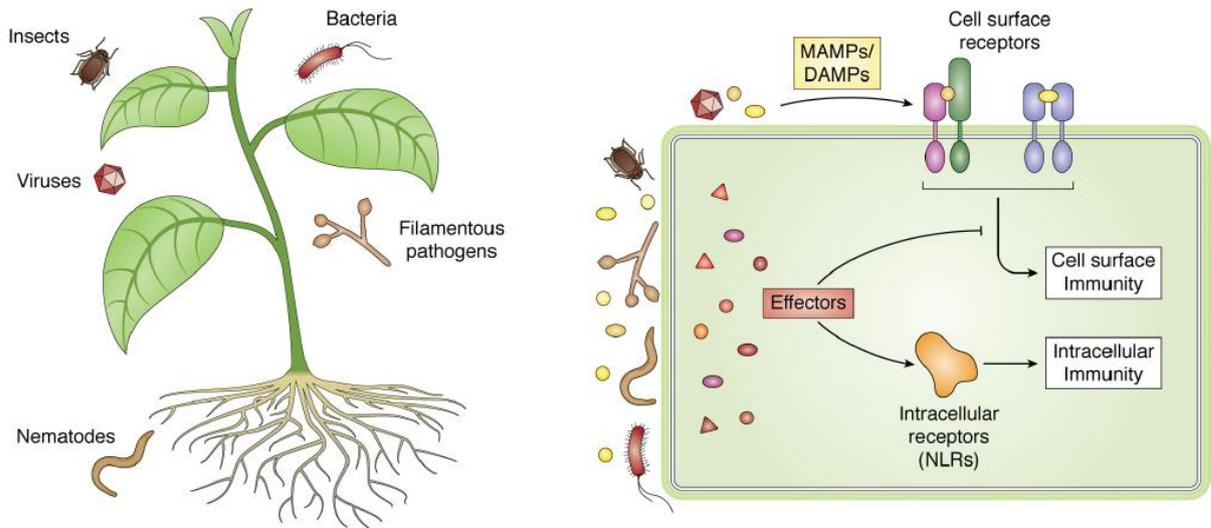


Figura 5: Esquema mostrando os patógenos e pragas que podem afetar as plantas e os mecanismos por meio de imunidade disparados por DAMPs, MAMPs e PAMPs (PTI) e efetores (ETI) que são ativados na célula nesses casos (BENTHAM *et al.*, 2020).

2.7.1 Imunidade em plantas desencadeada por PAMPs (PTI)

Plantas possuem a capacidade de detectar o ataque de patógenos e responder com um amplo conjunto de respostas, porém seu sistema imunológico não é análogo ao de mamíferos (FELIX *et al.*, 1999). Sua primeira linha de defesa recorre ao reconhecimento de padrões moleculares associados a patógenos (PAMPs), resultando na ativação de defesa basal (ou não hospedeiro) da planta.

Essa resposta é mediada por receptores de reconhecimento de padrões (PRRs) presentes na membrana plasmática das células vegetais. Quando os PRRs se ligam aos PAMPs correspondentes, ativa-se uma cascata de sinalização *downstream*, resultando na indução da resposta PTI (RESENDE *et al.*, 2007).

Os PRRs identificados em plantas são receptores transmembrana que podem apresentar duas estruturas básicas, *receptor-like kinases* (RLKs), que possuem um domínio quinase intracelular na região C-terminal, e *receptor-like proteins* (RLPs), que não possuem

tal domínio. Ambos possuem domínios funcionais modulares na região extracelular N-terminal (MONAGHAN *et al.*, 2012). Os PRRs podem ainda ser classificados em subfamílias quanto a seus ectodomínios, podendo possuir domínio de repetições ricas em leucina (*leucine-rich repeat*, LRR), domínio de lisina (*lysin motif*, LysM), domínio semelhante ao fator de crescimento epidérmico (*epidermal growth factor-like*, EGF-like) ou domínio lectina (TANG *et al.*, 2017; ZIPFEL *et al.*, 2014).

Além disso, os receptores PRRs são responsáveis também por reconhecer moléculas conservadas associadas aos microrganismos não-patogênicos (*microbe-associated molecular patterns*, MAMPs) e moléculas conservadas associadas a danos (*damage-associated molecular patterns*, DAMPs), que são moléculas produzidas pelas plantas após o ataque por agentes patogênicos e outros fatores que causam danos a mesma (GUST *et al.*, 2017).

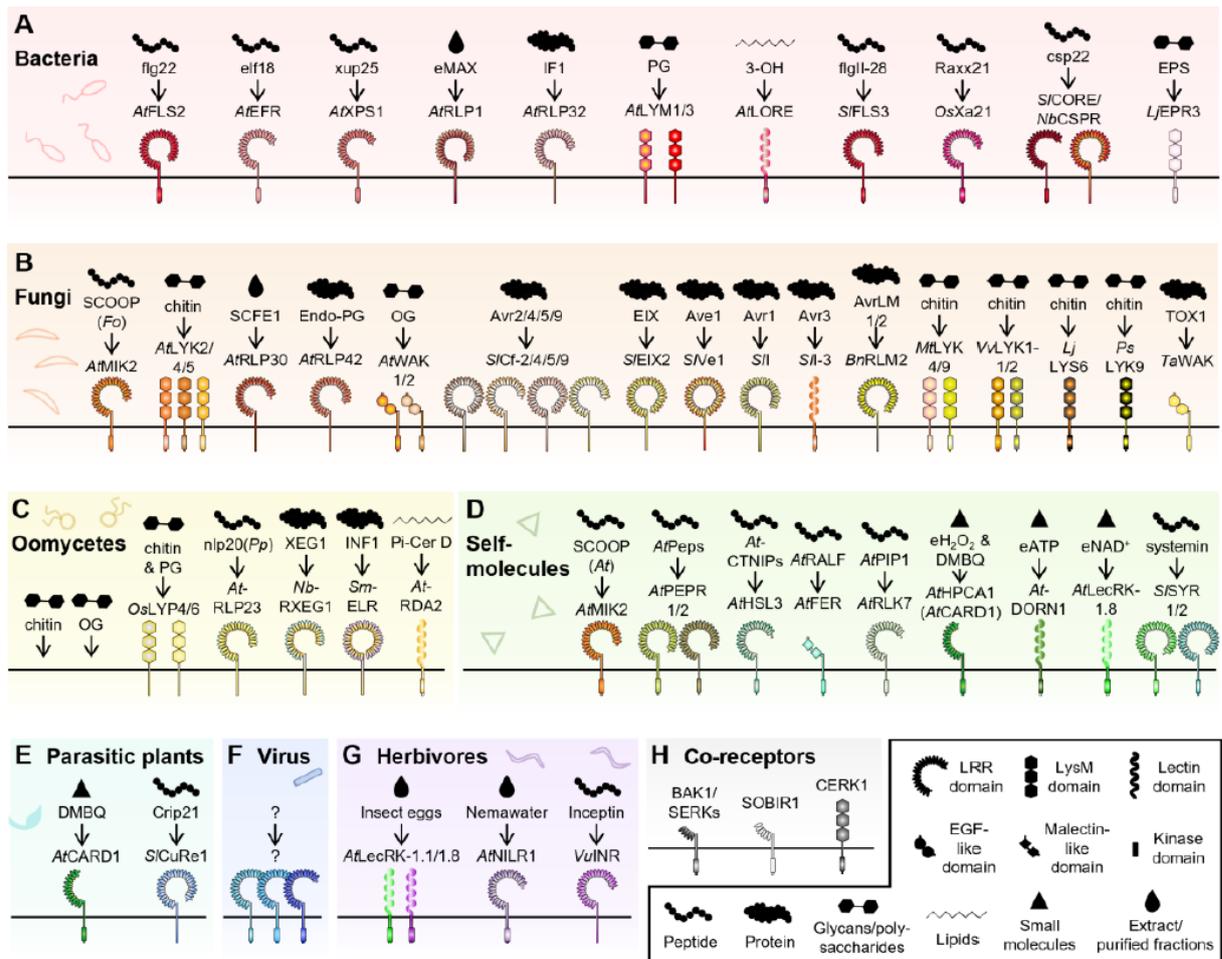


Figura 6: PRRs envolvidos na imunidade de plantas. Os PRRs estão classificados de acordo com seus patógenos como bactéria (A), fungo (B), oomicetos (C), moléculas próprias (D), plantas parasitas (E), vírus (F), herbívoros (G) e co-receptores PRR (H) (NGOU *et al.*, 2022)

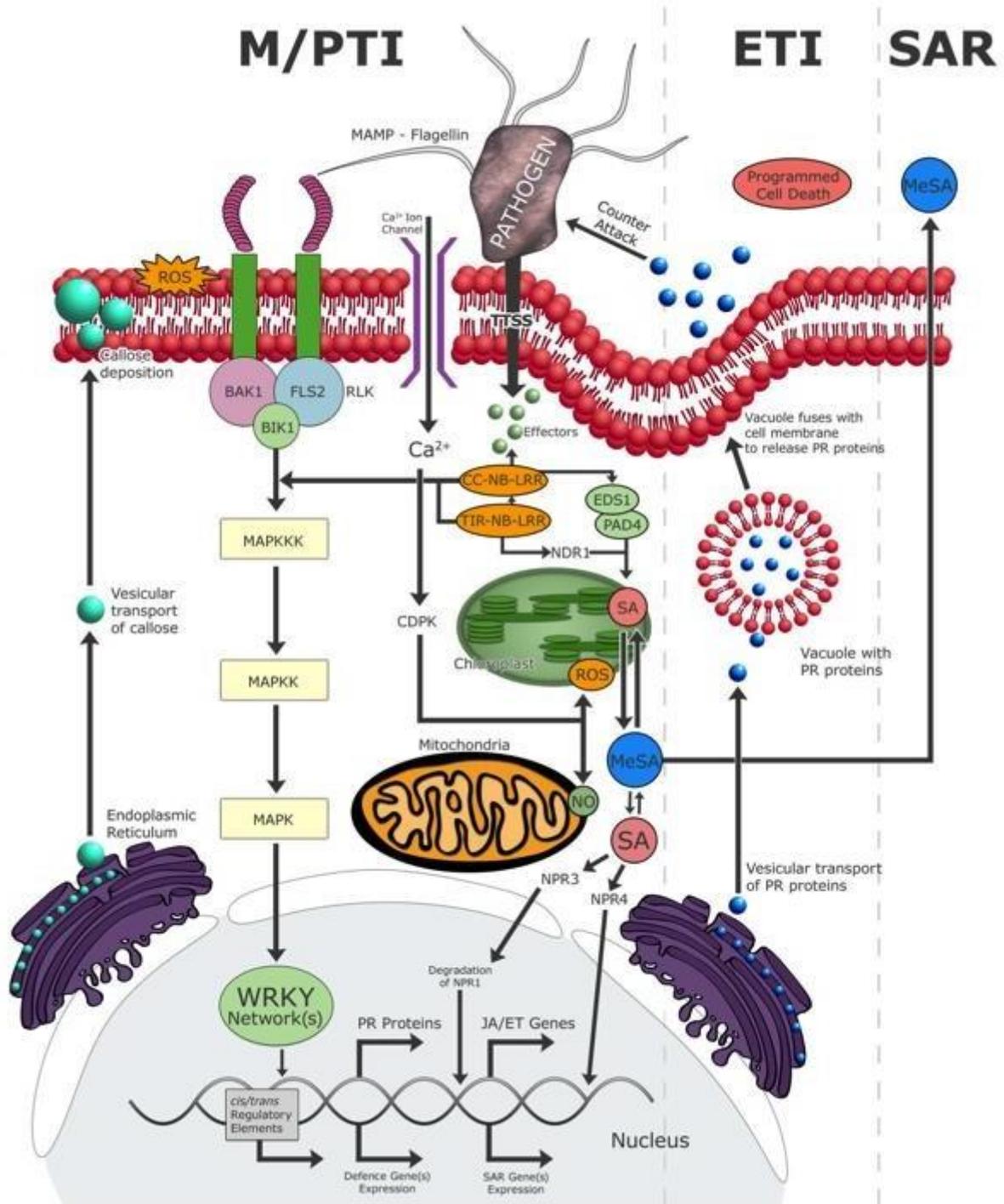


Figura 7: Diagrama ilustrado as respostas do sistema de defesa vegetal (KLEMPNER *et al.*, 2014).

Dentre os PAMPs/MAMPs, temos como principal exemplo a flagelina, o fator de alongação Tu, os lipopolissacarídeos (LPS), os peptidoglicanos (PGN), os fatores de *quorum sensing* bacterianos, o β -glucano, o ergosterol e a quitina fúngica (Figura 6 e 7) (ZIPFEL *et al.*, 2014; NÜRNBERGER *et al.*, 2004; BOLLER *et al.*, 2009). O reconhecimento de cada padrão molecular ocorre por PRRs específicos.

Após a interação dos PRRs da planta com os PAMPs, ocorre um rápido influxo de íons pela membrana plasmática, alcalinizando o meio extracelular e aumentando os íons de cálcio no citosol. Então uma cascata de sinalização por MAP quinases (*mitogen-activated protein kinases*, MAPKs) ocorre, assim como a ativação de fatores de transcrição do tipo WRKY (BOLLER *et al.*, 2009; ZIPFEL *et al.*, 2010). A resposta PTI geralmente também envolve a produção de espécies reativas de oxigênio (*reactive oxygen species*, ROS) que atuam tanto como sinalizadora, como modo de impedir o crescimento de microrganismos (KIMURA *et al.*, 2017).

A defesa da planta mediada pelo PTI inclui outras respostas como a fortificação de paredes celulares com a deposição de lignina e calose, a produção de proteínas relacionadas à patogênese (*pathogenesis-related*, PR) tais como quitinases e glucanases, responsáveis por degradar a parede celular de fungos e oomicetos; e a síntese de compostos de metabolismo secundário antimicrobianos tais como fitoalexinas, responsáveis por conter o avanço dos patógenos nos tecidos vegetais (PIETERSE *et al.*, 2009).

2.7.2 Imunidade em plantas disparada por efetores (ETI)

A imunidade disparada por efetores (*effector-triggered immunity*, ETI) é uma resposta das plantas aos mecanismos que os patógenos adaptaram para burlar o sistema PTI, durante a coevolução da relação planta-patógeno. Depois de secretar e translocar para a célula hospedeira, esses genes suprimem ou interferem na sinalização de PTI, tornando as plantas suscetíveis à infecção por agentes patogênicos. Isso gera doenças resultantes de suscetibilidade desencadeada por efetores (ETS) (PRESTI *et al.*, 2015; CHISHOLM *et al.*, 2006).

A resposta ETI é capaz de identificar as proteínas e moléculas envolvidas na patogenicidade por meio de receptores intracelulares, seja de forma direta ou indireta. Esses receptores são proteínas de resistência, codificados por genes de resistência R, da família NLR, que possuem domínio de ligação a nucleotídeos (*nucleotide binding*, NB) e repetições

ricas em leucina (*leucine rich repeat*, LRR). O reconhecimento ocorre por meio de interação gene a gene, ativando essa segunda linha de defesa (DEYOUNG *et al.*, 2006).

A teoria gene-a-gene define que para cada gene de resistência do hospedeiro (R gene), existe um gene do patógeno, complementar, de virulência (Avr gene). Quando planta e patógeno entram em contato, ocorre o reconhecimento do produto do gene Avr com o produto do gene R. Por isso o gene R funciona como um receptor induzido de acordo com um sinal externo, liberando uma cascata de sinais que culminam em uma resposta de defesa (BENTHAM *et al.*, 2020).

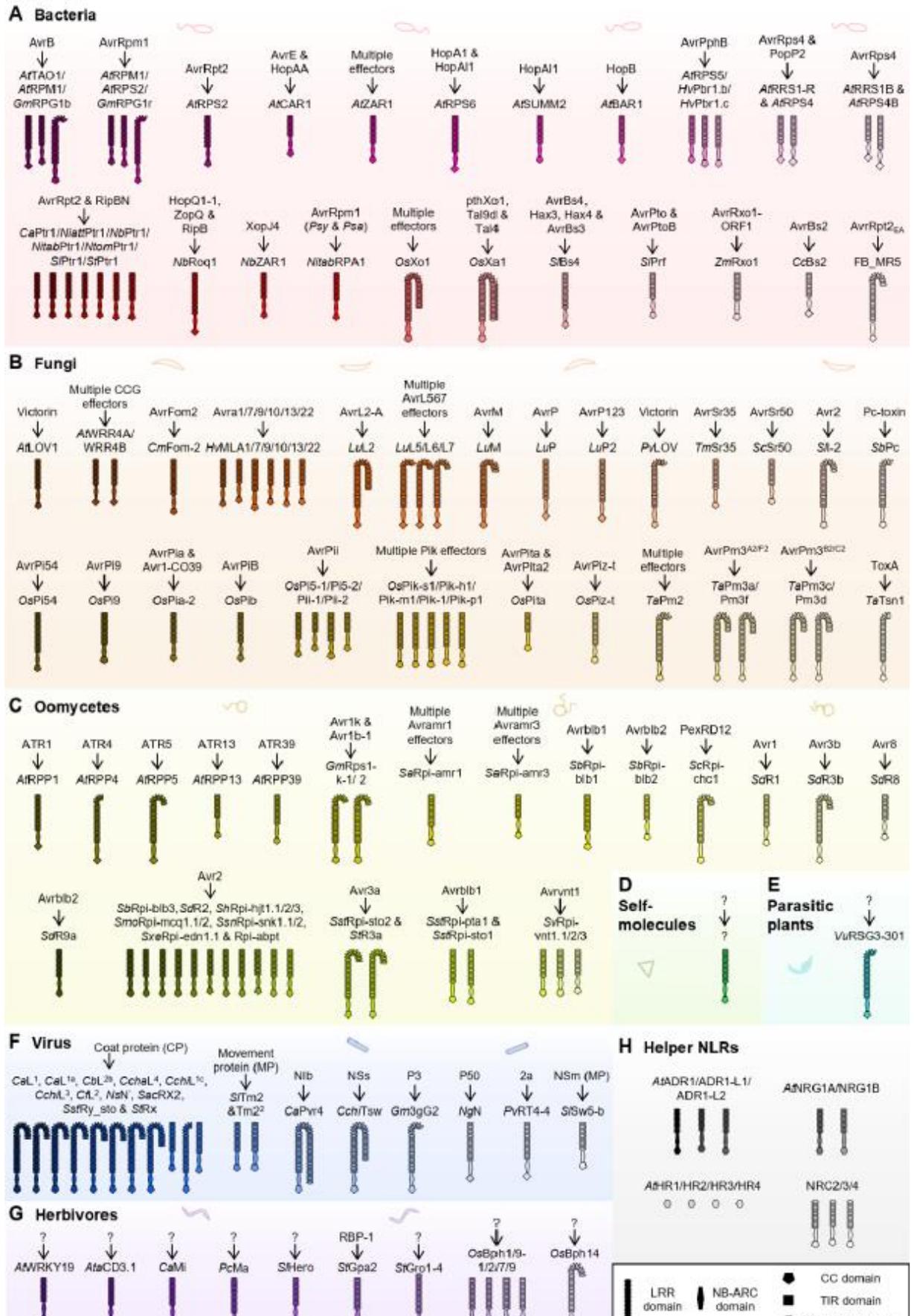


Figura 8: NLRs envolvidos em imunidade vegetal. NLRs caracterizados com ações efetoras contra bactéria (A), fungo (B), oomicetos (C), modulação própria (D), plantas parasitas (E), vírus (F), herbivoria (G) e NLRs helper (H) (NGOU *et al.*, 2022)

A principal classe de genes R são os que codificam as proteínas da superfamília NLR (*leucine-rich repeat receptors*), com estudos evidenciando que a sua única função conhecida é a resistência a doenças (MEYERS *et al.*, 2005). O domínio NBS é responsável pela sinalização dentro da célula, apresentando alta conservação e ordenação, com motivo como P-loop, quinase-2 e Gly-Leu-Pro-Leu. Já os LRRs são domínios adaptáveis que são dedicados na identificação de proteínas de origem patogênica (Figura 7 e 8) (MARONE *et al.* 2013).

O mecanismo de resistência ETI envolve vias de transdução de sinal que na maioria das vezes geram uma resposta de hipersensibilidade nas células e conseqüentemente ocorre a morte celular programada das células infectadas por patógenos. A sinalização envolvida em PTI e ETI, permitem uma rápida comunicação entre diferentes partes da planta. Dentre os mecanismos usados para a sinalização existem os fitormônios que conseguem atuar em longas distâncias, assim como peptídeos, fatores transcricionais e pequenos RNAs que conseguem atuar localmente ou de forma específica em algum órgão da planta (SPARKS *et al.*, 2013).

Portanto, é notório que um robusto sistema imune protege as plantas de agentes patogênicos, porém é dispendioso e pode afetar o crescimento e desenvolvimento da planta. Plantas expostas a PAMPs ou com proteínas NLR ativadas de modo excessivo, apresentam tamanho reduzido, mostrando o balanço energético entre defesa e crescimento que ocorre na planta (DENANCÉ *et al.*, 2013).

3 Justificativa

Devido ao grande impacto econômico da cultura de banana, não só no Brasil, mas no mundo, seria essencial desenvolver um método que aumente sua produtividade, diminua custos de produção e evite desperdícios. Plantas resistentes aos ataques de patógenos e ao déficit hídrico são de fundamental importância no contexto de mudanças climáticas, visto a tendência ao aquecimento que resulta na redução do nível de umidade no solo, além de fazer as plantas transpirem mais, aumentando sua necessidade hídrica com o intuito de manter sua temperatura estável.

Mudanças climáticas vêm alterando os padrões de precipitação em escala global, com períodos de seca sendo um risco para as lavouras. Com o estresse hídrico sendo um grande fator limitante na produção de banana, principalmente nas regiões tropicais onde chove insuficiente ou as chuvas são bem esparsas, uma vez que até as secas moderadas apresentam um impacto considerável na produção. Bananas do subgrupo East African Highland bananas (*Musa AAA*), por exemplo, podem sofrer perdas de até 60% na produção quando a chuva anual é abaixo de 1100 mm (VAN ASTEN *et al.*, 2011). Déficit hídrico pode resultar na redução do peso do cacho de bananas e reduzir a quantidade de bananas por cacho.

Quanto à resistência à seca, sabe-se que o genótipo “B”, de *Musa balbisiana*, consegue se desenvolver melhor do que as de genótipo “A”, de *Musa acuminata* (RAVI *et al.*, 2013). Isso corrobora com a evidência da baixa tolerância à seca da cultivar Cavendish, visto esta apresentar genoma “AAA”, assim como também corrobora com a evidência da tolerância conferida em Princesa, visto esta apresentar genoma “AAAB”.

Além disso, a necessidade do aumento da produtividade alimentícia frente ao crescimento populacional que, segundo a ONU, deve chegar a 10 bilhões de pessoas em 2050. Essa projeção é alarmante, visto a falta de condições, hodiernamente, de alimentar uma população desse tamanho, já que devido ao desperdício que temos de alimento, seja no transporte, no processamento, na perda do prazo de validade ou até na hora do consumo, precisamos aumentar em quase 70% a quantidade de alimentos produzidos a fim de evitar um cenário crítico de fome.

Temos também o problema do acesso a água que vem afetando cada vez mais as grandes cidades, que passaram ou passam por racionamentos. O próprio Brasil, detentor da maior porção de água potável do planeta, já apresentou cidades com problemas hídricos que requisitaram tal medida. Sendo a agricultura o maior usuário da porção de água consumida em

um país, cerca de 70%, é iminente a necessidade de culturas tolerantes à seca para que possa se manter equilibrado o consumo dos recursos hídricos com a sua regeneração.

Nutricionalmente, a banana é importante na dieta de várias culturas, principalmente as em desenvolvimento, sendo uma fonte acessível de vitaminas e sais minerais. A farinha de banana e a biomassa de banana também têm ganhado importância na manutenção de uma dieta saudável e balanceada, possibilitando criar receitas alternativas para pessoas com restrições alimentares.

Embora vários estudos tenham sido realizados para investigar a resistência de genótipos de *Musa* a patógenos de gênero *Pseudocercospora*, a validação de genes candidatos e incorporação em programas de cruzamento continua pouco explorada. Complementando dados de transcriptomas anteriores de interação *Musa-Pseudocercospora*, os conjuntos de dados desenvolvidos neste estudo fornecem um avanço no entendimento de respostas de defesa, com o foco no genótipo híbrido tetraploide que é empregado no combate a patógenos da Sigatoka no Brasil.

Além disso, conhecer os mecanismos do processo de resistência biótico da bananeira, pode ajudar a entender os mecanismos em outros vegetais e enriquecer o conhecimento desse ramo, possibilitando novas pesquisas e novas implementações em outras cultivares uma vez que muitos mecanismos são conservados. Isso geraria um grande impacto econômico na agricultura como um todo.

Logo, percebe-se a necessidade da pesquisa dos mecanismos de resistência a *P. musae* e tolerância ao déficit hídrico, uma vez que os mesmos têm impactos em várias áreas e podem ser benéficos em vários setores da sociedade, podendo contribuir na elaboração de meios de melhoramento genético e possivelmente uma cultivar comercial mais sustentável.

4 Objetivos

4.1 Objetivos Gerais:

Prospectar e caracterizar genes e moléculas envolvidas na resistência a *P. musae* e tolerância à seca em genótipo híbrido de *Musa* BRS Princesa, realizando o sequenciamento de RNA total foliar de tratamentos controle não estressado, déficit hídrico, infecção por *P. musae* e coestresse para obter-se os transcriptomas globais e os genes diferencialmente expressos (DEGs) durante cada condição.

4.2 Objetivos Específicos:

- Desenvolver bioensaios para genótipos de banana contrastantes (BRS Princesa (AAAB) e Calcutta 4 (AA)) quanto a resistência a *P. musae* em condições de déficit hídrico, infectadas pelo patógeno *P. musae* e expostas as duas condições anteriores simultaneamente.
- Sequenciar os transcriptomas foliares do genótipo BRS Princesa nas três condições.
- Analisar os estômatos com microscopia de luz e eletrônica de varredura antes e depois da exposição aos diferentes tratamentos.
- Identificar, *in silico*, os genes candidatos que sofreram modulação na sua expressão e estão associados aos mecanismos de resposta do déficit hídrico, da infecção com *P. musae* e ambas as condições concomitantemente.
- Identificar as vias metabólicas e os genes envolvidos nos mecanismos de reconhecimento e defesa da planta contra o patógeno, assim como da tolerância à seca.

5 Materiais e Métodos

5.1 Coleção de isolados, identificação, cultivo e preparo do inóculo

A coleção de *P. musae* disponível no Laboratório de Interação Planta-Praga da Universidade de Brasília (UnB) possui mais de 100 isolados, coletados de folhas de bananeira infectadas pelo patógeno no campo. Para confirmação da identidade molecular dos seis isolados, a região ITS do rDNA ribossômico, parte do gene da actina (ACT) e da histona H3 (HIS) de todos os indivíduos foram analisados. O cultivo foi realizado em meio de cultura V8, mantido em estufas tipo BOD, com temperatura ajustada para 25°C e luz constante. O inóculo de um isolado agressivo de *P. musae* foi obtido após 11 dias de incubação, com adição de 10 ml de água destilada por placa. A suspensão de conidiósporos resultante foi filtrada em gaze e sua concentração ajustada com auxílio de câmara de Neubauer (CORDEIRO, *et al.*, 2011).

5.2 Bioensaios

Os bioensaios foram realizados com plantas da variedade híbrido BRS Princesa (resistente) e Calcutta 4 (suscetível), submetidas a diferentes níveis de déficit hídrico concomitantemente às interações com o patógeno *P. musae*. As coletas de material biológico foram realizadas no 22º dia após o processo de infecção e no 25º dia. As cultivares de *Musa* foram propagadas *in vitro* e mantidas em casa de vegetação. As bananeiras de quatro meses crescidas em vasos foram submetidas a experimentos de estresse hídrico em casa de vegetação. As plantas recebiam 210 ml de água até o 17º dia, receberam 100 ml de água nos dois dias subsequentes e 75 ml de água do 20º dia ao 22º dia, onde foi feita a primeira coleta de seca moderada. Nos últimos 3 dias de tratamento, as plantas receberam 25ml de água e foram coletadas amostras ao final do 25º, sendo essa a coleta de seca severa. O estado da água das plantas de cada tratamento foi monitorado por meio de psicrômetros de termopar (modelo C-30, Wescor, Inc.) acoplados a um datalogger (Campbell Scientific, Inc., modelo CR-7). Em cada dia de leitura, o datalogger foi programado para que as leituras foliares fossem efetuadas a cada 10 minutos, até que o equilíbrio da pressão de vapor na câmara fosse verificado. A microvoltagem fornecida pelo sistema foi convertida em potencial da água, em mega Pascal (MPa), em função de prévia calibração dos sensores com soluções de cloreto de sódio. Logo após a coleta do material descrito acima, as taxas de fotossíntese líquida (mg CO₂/dm² h) em cada planta foram obtidas com um sistema portátil de fotossíntese (LI-COR, modelo LI-6200), com câmara de 4 litros. As medidas foram feitas em condições naturais, em folhas do

terço médio da planta. Além das taxas de fotossíntese líquida foram avaliados também, as taxas de transpiração (mmol de H₂O / dm² h) e os valores de resistência estomática, em s/cm.

Foram retirados fragmentos de 0,5 mm de material foliar, que foram imersos em solução fixadora, composta de 75% etanol/25% acetato, desidratados em série alcoólica crescente, infiltrados e incluídos em parafina. Foram realizadas secções seriadas das amostras, entre 10 a 20 µm, em micrótomo rotatório. Os cortes foram aderidos às lâminas com uma solução inibidora de RNase em placa histológica a 57 °C. Para remoção da parafina, as secções foram banhadas em xilol.

Tabela 4: Resumo do delineamento experimental aplicado nos bioensaios para a análise do transcriptoma na interação molecular *Musa acuminata* – *P. musae* – estresse hídrico.

Genótipo	Déficit Hídrico T1	Infecção <i>P. musae</i> T2	P1	P2	Total
Calcutta 4 (AA) Resistente à <i>P. musae</i>	+	+	2	2	
		-	2	2	
	-	+	2	2	
		-	2	2	
	Total		8	8	16
Princesa (AAAB) Resistente à <i>P. musae</i> e tolerante ao <i>Déficit Hídrico</i>	+	+	3	3	
		-	3	3	
	-	+	3	3	
		-	3	3	
	Total		12	12	24

5.3 Análises de microscopia

Para cada genótipo, o primeiro par foliar de diferentes plantas foram utilizados para as secções transversais antes e depois dos tratamentos. Imediatamente após as coletas, o material foi fixado em solução FAA 50% (Formaldeído, Ácido acético e Etanol) para análise por microscopia óptica. Após 24 horas de fixação, as amostras foram desidratadas em série crescentes de solução de etanol até 70% e então procedimento para clarificação foi realizado com hipoclorito 2,5%. Para as amostras destinadas à Microscopia de Varredura, após fixação

com Karnovsky a 0,05%, pH 7,2, overnight, seguida da lavagem em tampão Cacodilato de Sódio. As amostras foram pós-fixadas em tetróxido de ósmio 2% por 1 hora em temperatura ambiente, e posteriormente desidratadas em séries crescentes de isopropanol. A desidratação completa foi realizada por meio do método da câmara de ponto crítico (do inglês, CPD – Critical Point Drying). Este passo foi realizado na câmara (BAL-TEC CPD 030) que utiliza gás carbônico como fluido transicional. As amostras foram cobertas com ouro e as imagens foram geradas por meio do microscópio NeoScape JCM-5000 (JEOL). As imagens ópticas foram obtidas utilizando o microscópio Leica DM 750 e o programa Leica Application Suite 3.0 LasEz.

5.4 Extração do RNA total e Sequenciamento Illumina

A extração do RNA total das folhas do híbrido BRS Princesa infectadas e não infectadas com *P. musae*, em condição irrigada e não irrigada foi conduzida. A extração do RNA foi realizada em tubos descartáveis do tipo falcon de 15 ml seguindo protocolo descrito por PASSOS *et al.*, 2013a. Após a maceração do material biológico, a extração foi conduzida utilizando o reagente Concert Plant RNA® Reagent (Invitrogen) e Direct-zol RNA miniprep (Zymo Research). O RNA foi precipitado com isopropanol a -20°C e ressuscitado em H₂O RNase free. O RNA aliquoteado foi armazenado a uma temperatura de -80°C. O RNA foi purificado utilizando as colunas do kit Direct-zol RNA miniprep (Zymo Research). A análise da qualidade e a quantificação do RNA foram verificadas por eletroforese em gel de agarose 1% RNase free, por NanoDrop e por Bioanalyzer. O RNA foi purificado e estocado a -80° C e posteriormente utilizado nos experimentos.

Foi realizado sequenciamento utilizando a tecnologia Illumina, a partir do RNA total extraído de folhas de BRS Princesa em triplicata, infectada com o fungo *P. musae*. A construção das bibliotecas de cDNA e o sequenciamento foram realizadas na Genome Québec (Montreal, Québec, Canadá), utilizando a tecnologia Illumina (<http://illumina.ucr.edu/ht/>). As amostras de RNA total foram transportadas em RNAsstable (Biomátrica), de acordo com as instruções do fabricante. Após ressuspensão, a integridade do RNA foi avaliada utilizando o sistema do Agilent 2100 Bioanalyzer e RNA LabChip® kit (Agilent Technologies). O sequenciamento Paired-end (2 X 150 bases), nos dois sentidos da fita de cDNA, foi conduzido usando TruSeq RNA Chemistry v3. Dados do sequenciamento Illumina serão depositados no NCBI GEO (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/geo/>).

5.5 Análise bioinformática

A construção das bibliotecas de cDNA e o sequenciamento foram realizados pela empresa McGill University / Génome Québec Innovation Centre – Canadá, utilizando a tecnologia Illumina Novaseq 6000 PE100 (<http://illumina.ucr.edu/ht/>). As amostras de RNA total da variedade BRS Princesa foram transportadas em RNASTable (Biomátrica), de acordo com as instruções do fabricante. Após ressuspensão, a integridade do RNA foi avaliada utilizando o sistema do Agilent 2100 Bioanalyzer (Agilent Technologies, EUA). As bibliotecas foram construídas utilizando o TruSeq RNA Library Prep Kit (Illumina, EUA) e o sequenciamento paired-end (2x100 bases) foi conduzido usando TruSeq RNA Chemistry v3 (Illumina, EUA). As sequências geradas tiveram os adaptadores retirados usando o programa Trimmomatic e sequências com qualidade inferior a Phred Q>20 foram filtradas usando o programa FastQC. Em seguida, foi realizado o mapeamento destas no genoma de referência de *Musa acuminata* DH-Pahang versão 2 (<http://banana-genome.cirad.fr/>) utilizando o programa Star. A contagem dos mapeamentos foi realizada com o programa HTSeq-count. O cálculo de expressão diferencial dos genes foi realizado com EdgeR e DESeq 2. A anotação foi feita com Uniprot e a categorização funcional dos genes foi realizada com Gene Ontology. Os dados do sequenciamento serão depositados no NCBI Sequence Read Archive (SRA) database.

6 Resultados

6.1 Coleção de isolados, identificação, cultivo e preparo do inóculo

A quantidade e a pureza do DNA genômico extraído dos seis isolados de *P. musae* foram suficientes para a realização da PCR, na qual foi obtido um único fragmento do tamanho esperado da região ITS do rDNA (600 pb) (Figura 9), bem como dos genes da ACT (250 pb), HIS (350 pb) e EF (800 pb). Após o sequenciamento, uma busca por sequências homólogas foi realizada via BLASTN na base de dados *GenBank*, e os resultados confirmaram a identidade de todos os isolados como *P. musae* (teleomorfo: *Mycosphaerella*

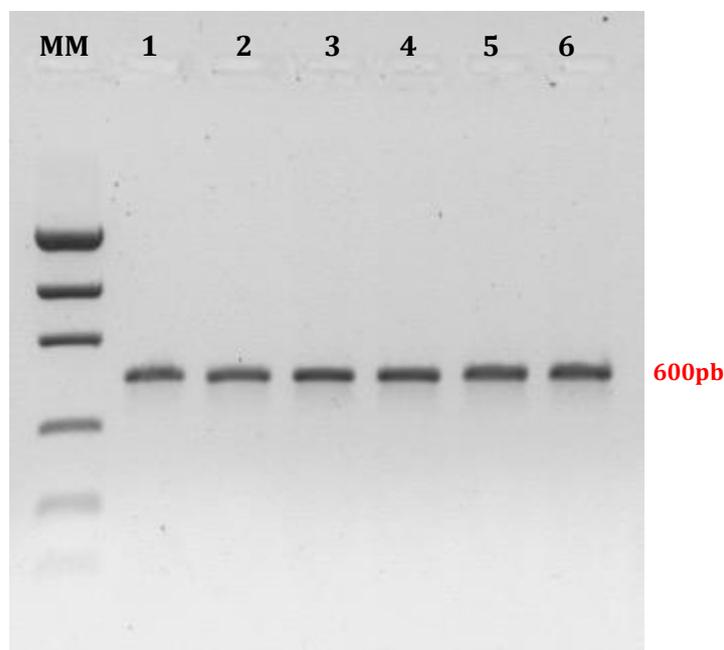


Figura 9: Eletroforese do produto da amplificação da região ITS do rDNA dos seis isolados de *P. musae* coletados na Estação Experimental de Biologia – UnB, em gel de agarose a 1%. MM - Marcador Molecular Low DNA Mass Ladder (Invitrogen); 1 – 018b BA; 2 - 01EB; 3 – 12EB; 4 – 15EB; 5 – 55EB; 6 – 90EB

musicola) (Tabela 1).

Tabela 5: Resultado da análise das sequências dos seis isolados via BLASTN, para as quatro regiões genômicas.

Isolado	Região genômica	Identidade	Resultado
01 EB	ITS 5-4	99,6%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	EF	91,2%	<i>Pseudocercospora</i>

			<i>mapelanensis</i>
	Actina	94,7%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	Histona	98,9%	<i>Pseudocercospora musae</i>
12 EB	ITS 5-4	98,3%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	EF	90,8%	<i>Pseudocercospora mapelanensis</i>
	Actina	71,5%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	Histona	99,7%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	ITS 5-4	98,6%	<i>Pseudocercospora musae</i>
15 EB	EF	92,6%	<i>Pseudocercospora mapelanensis</i>
	Actina	99,6%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	Histona	99,0%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	ITS 5-4	99,0%	<i>Pseudocercospora musae</i>
018 b BA	EF	92,4%	<i>Pseudocercospora mapelanensis</i>
	Actina	99,0%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	Histona	98,0%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	ITS 5-4	93,2%	<i>Pseudocercospora musae</i>
55 EB	EF	90,3%	<i>Pseudocercospora mapelanensis</i>
	Actina	97,3%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	Histona	99,0%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	ITS 5-4	98,0%	<i>Pseudocercospora musae</i>
90 EB	EF	87,0%	<i>Pseudocercospora mapelanensis</i>
	Actina	94,0%	<i>Pseudocercospora musae</i>
	Histona	99,0%	<i>Pseudocercospora musae</i>

Para a condução do bioensaio e posterior estudo da expressão gênica envolvida nas respostas de defesa de *M. acuminata*, o isolado 15EB foi selecionado previamente a partir de análises microscópicas realizadas para avaliar o desenvolvimento do processo infeccioso. Esta cepa apresentou melhor desempenho na etapa esporulação em comparação com as demais, maior porcentagem de germinação e melhor aderência aos tecidos vegetais.

6.2 Bioensaios

Um bioensaio foi conduzido para caracterizar o transcriptoma de dois genótipos de *M. acuminata* submetidos a estresse abiótico e estresse biótico, visando à identificação de moléculas responsivas a estresses.



Figura 10: Plantas de 2 meses de idade (acessos de *M. acuminata* Calcutta 4 e *M. acuminata* Princesa), mantido em casa de vegetação.



Figura 11: Plantas de 6 meses de idade (acessos de *M. acuminata* Princesa), mantidas em Fitotron durante os bioensaios.

6.3 Extração de RNA total e sequenciamento Illumina (mRNAseq)

Diferentes métodos para extração de RNA total a partir de material foliar de *M. acuminata* foram comparados, como LiCl, CTAB, Concert® e Trizol®. Com base na concentração, qualidade e aplicabilidade para a extração em grande escala, Concert® (Invitrogen) foi escolhido como o método de extração mais adequado. Tal processo foi necessário, uma vez que percebeu-se uma baixa eficiência na extração de RNA total das folhas de BRS Princesa quando comparada com outras cultivares. Após os bioensaios, RNA total foi extraído das amostras de folha, congelados a -80°C , de inoculados, sob estresse hídrico, coestresse e de controles usando Concert Plant RNA ® Reagent (Invitrogen) e Direct-zol RNA miniprep (Zymo Research), de acordo com instruções do fabricante. O RNA total foi tratado com DNase (Zymo Research) e precipitado com etanol a 70%. A quantificação de RNA e análise de pureza foi realizada utilizando gel de agarose 1%, espectrofotometria *Nanodrop*, analisando como Razões 260/280 e 260/230 de absorvância (Tabela 6) e avaliação de qualidade RIN (*RNA integrity number*) em *bioanalyzer* (Figura 12 e Tabela 7).

Tabela 6: Quantificação de RNA das amostras foliares com espectros 260/280 e 260/230. Amostras com C são controle, com A são estresse abiótico, com B são estresse biótico e com AB são coestresse.

Amostra	Concentração RNA (ng/ μl)	260/280	260/230
C2_3	61,7	1,92	1,42
C5_3	93,9	1,98	2,17
C6_3	83,7	1,92	1,93
A2_3	91,8	1,98	1,94
A3_3	89,9	1,99	1,72
A4_3	142,8	1,97	2,05
B2_3	183	2,04	2,09
B3_3	62,4	2,08	1,31
B6_3	65,6	1,92	1,93
AB2_3	75	1,94	1,85
AB3_3	191,5	1,99	2,16
AB4_3	28,3	2,06	1,87

Tabela 7: Quantificação da extração de RNA aferidas com *bioanalyzer* e medição de padrão de qualidade RIN.

Amostra	Concentração RNA (ng/ μl)	RIN
C2_3	509	5,3
C5_3	605	5,2
C6_3		
A2_3	634	7,3

A3_3	515	7,7
A4_3	848	6
B2_3	1067	6,2
B3_3	356	5,5
B6_3	525	6,8
AB2_3	703	5,1
AB3_3	1583	5,6
AB4_3		

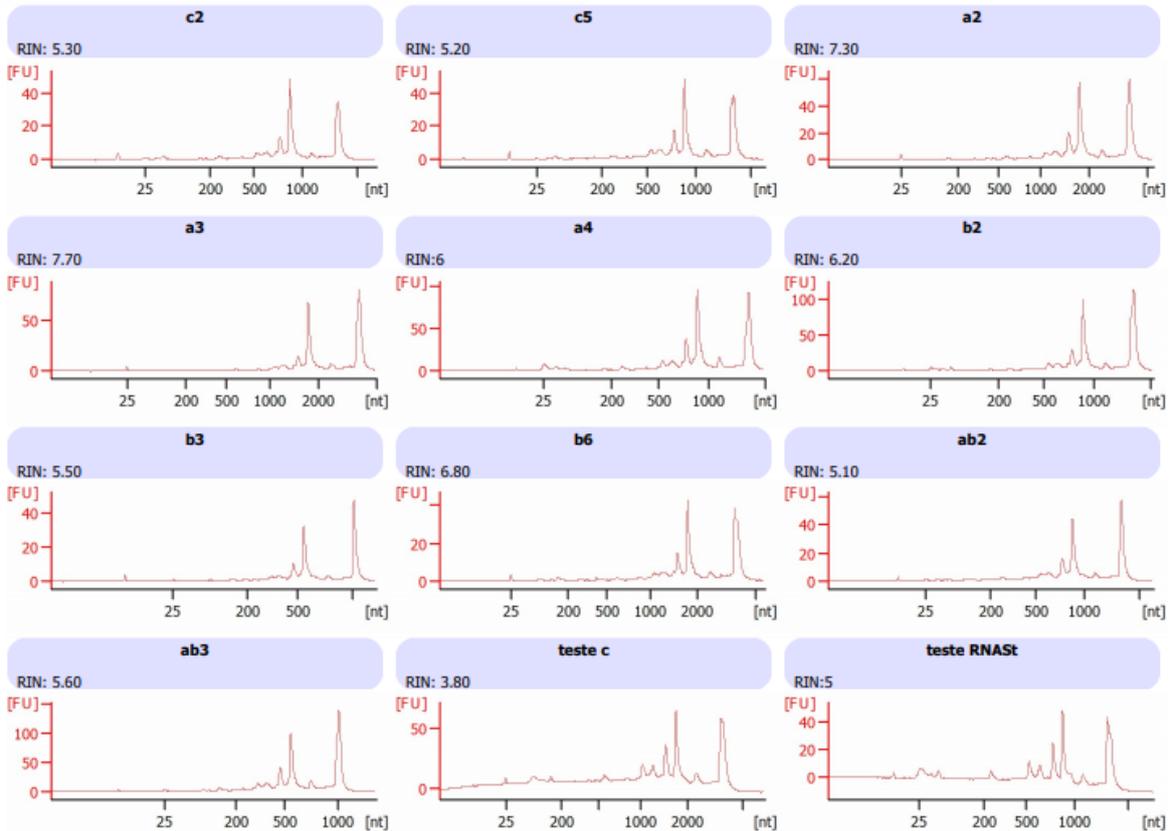


Figura 12: Análise da qualidade do RNA feita com bioanalyzer para averiguar a qualidade do RNA extraído.

6.4 Estatísticas de sequenciamento RNA-Seq

Usando a tecnologia *Illumina NovaSeq 6000 PE100 RNAseq*, foram criadas 12 bibliotecas de cDNA para os tratamentos de estresse abiótico, estresse biótico, coestresse e controle, resultando em 345.120.008 *reads*. As sequências foram tratadas pela remoção do adaptador e filtradas para remover sequências com qualidade de Phred Q menor que 20, resultando em uma biblioteca de 334.904.154 *reads* de alta qualidade. Os dados não filtrados e os filtrados, para cada biblioteca de cDNA sequenciada, estão apresentados na Tabela 8. Um total de 313.336.435 das sequências filtradas foram mapeadas com sucesso ao genoma de referência *M. acuminata* DH-Pahang V2, correspondendo a 93,56% do total de *reads* filtradas.

As estatísticas resumindo as informações de mapeamento das sequências também estão presentes na Tabela 8. Todo sequenciamento obtido pelo método Illumina RNA-Seq, não filtrado, será depositado no banco de dados NCBI *Sequence Read Archive* (SRA) como um *BioProject*, gerando um número de acesso SRA específico.

Tabela 8: Sumário dos dados obtidos com *Illumina NovaSeq 6000*. Apresenta-se os dados não filtrados e filtrados assim como as estatísticas referentes a cada biblioteca gerada de *Musa BRS Princesa*.

Tratamento		Total de reads	Reads com controle de qualidade	Reads mapeados contra DH-Pahang	% dos reads mapeados
Controle	C2	22.860.361	22.117.340	20.731.593	93.73%
	C5	28.064.971	27.187.967	25.512.329	93.84%
	C6	26.445.741	25.720.945	24.159.857	93.93%
Estresse Abiótico	A2	28.794.830	27.832.222	25.707.110	92.36%
	A3	28.439.796	27.463.143	25.796.317	93.93%
	A4	27.094.919	26.291.901	24.051.497	91.48%
Estresse Biótico	B2	34.407.843	33.483.850	31.699.663	94.67%
	B3	30.016.905	29.167.554	27.304.467	93.61%
	B6	38.029.119	37.066.014	34.773.105	93.81%
Coestresse	AB2	23.976.890	23.223.501	21.649.482	93.22%
	AB3	28.613.573	27.832.807	26.207.064	94.16%
	AB4	28.375.060	27.516.910	25.743.951	93.56%

6.5 Análise de expressão gênica

As sequências obtidas após alinhamento contra o genoma modelo de referência *M. acuminata* DH-Pahang V2 foram analisadas quanto ao *fold change* da expressão gênica usando DESeq2 e EdgeR. Os DEGs com logaritmo de *fold change* (LogFC) significativo (com valores de expressão ≥ 1 e nível de probabilidade de $p \leq 0,1$), dentre os tratamentos, foram identificados por meio de comparação das contagens das *reads* mapeadas para genes em tratamentos de estresse, contrastando com o tratamento equivalente controle não estressado.

Tabela 9: Total de genes diferencialmente expressos obtidos a partir de análises do RNA-Seq para os diferentes tratamentos: Abiótico sendo déficit hídrico, biótico sendo desafiado com *P. musae* e Co-estresse sendo a presença de ambos os estresses concomitantes.

Tratamento	Total de genes	Total de DEGs	<i>Up regulated</i>	<i>Down Regulated</i>
Abiótico	25.285	933	514	419
Biótico	25.615	901	345	556
Co-estresse	25.156	563	125	438

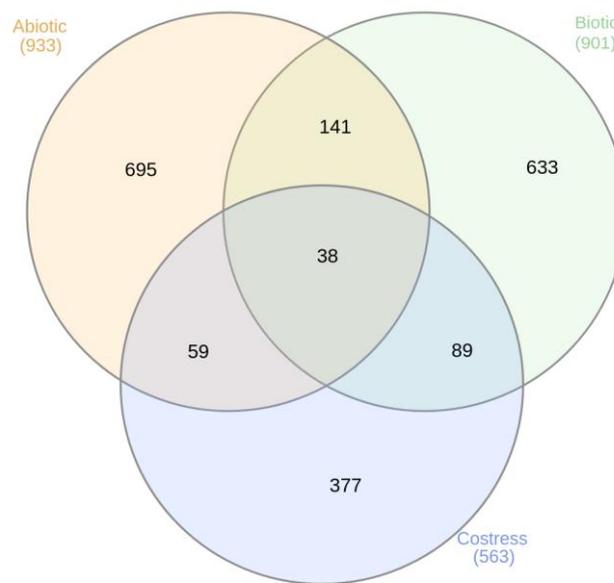


Figura 13: Diagrama Venn global resumindo numericamente os genes diferencialmente expressos (DEGs) observados em *Musa* BRS Princesa nos tratamentos de estresse abiótico (Abiotic), estresse biótico (Biotic) e coestresse (Costress) em relação ao grupo controle não estressado. Os DEGs foram considerados significativos quando a expressão relativa dos genes entre o tratamento estressado e o controle apresentavam pelo menos um $\text{LogFC} \geq 1$ ou ≤ -1 , considerando uma taxa de falsa descoberta FDR ajustada com um valor de $p \leq 0,1$. As regiões sobrepostas representam os genes comuns aos tratamentos.

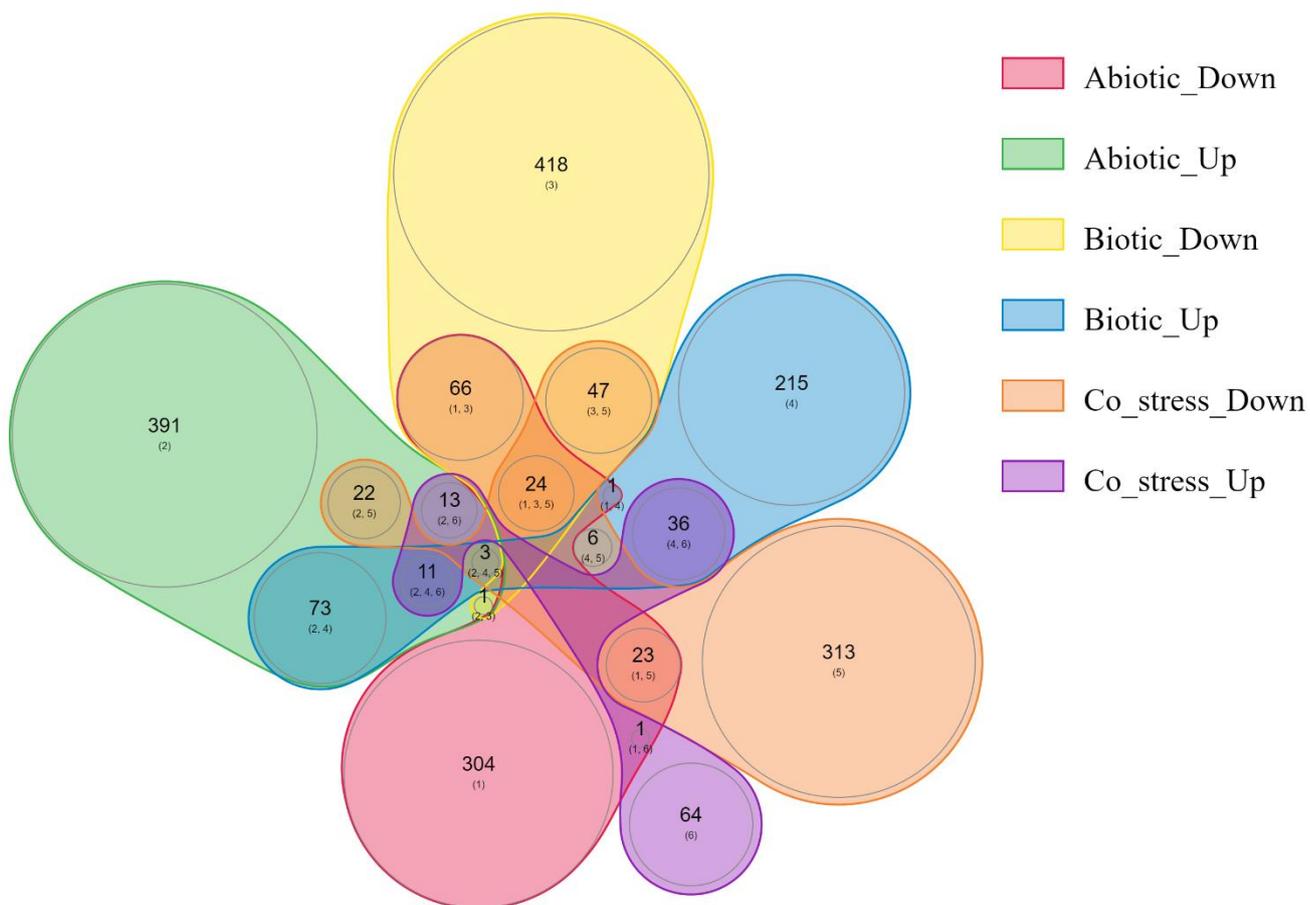


Figura 14: Diagrama Venn global resumindo numericamente os genes diferencialmente expressos (DEGs) observados em *Musa* BRS Princesa nos tratamentos de estresse abiótico (*Abiotic_Down* e *Abiotic_Up*), estresse biótico (*Biotic_Down* e *Biotic_Up*) e coestresse (*Co_stress_Down* e *Co_stress_Up*) quando comparados ao controle não estressado. Os DEGs foram considerados significantes quando a expressão relativa dos genes entre o tratamento estressado e o controle apresentavam pelo menos um $\text{LogFC} \geq 1$ ou ≤ -1 , considerando uma taxa de falsa descoberta FDR ajustada com um valor de $p \leq 0,1$. As regiões sobrepostas representam os genes comuns aos tratamentos.

6.6 Análise de enriquecimento de ontologia de gene

Para poder analisar os processos metabólicos e as vias metabólicas que sofreram alterações em *Musa* BRS Princesa em resposta ao estresse abiótico (seca), ao estresse biótico (*P. musae*) e ao coestresse (seca e *P. musae*), aplicou-se uma análise de enriquecimento de ontologia de gene (*Gene Ontology Enrichment Analysis*) referente às anotações funcionais. Os valores do enriquecimento foram comparados com todos os genes presentes no genoma de referência *Musa acuminata* DH-Pahang. Como resultado, 9 categorias GO foram enriquecidas para estresse abiótico, 23 categorias para estresse biótico e 20 categorias para coestresse (Figura 15).

Em relação às respostas ao estresse abiótico, categorias enriquecidas significantes foram observadas, onde os genes tiveram um aumento da expressão (*up-regulated*) quando comparados com a expressão basal do tratamento controle. Essa análise é composta pelos termos fotossíntese (*photosynthesis*), ligante de quitina (*chitin binding*), atividade endopeptidase tipo-serina inibidora (*serine-type endopeptidase inhibitor activity*), atividade sintase de terpeno (*terpene synthase activity*), componente extrínseco de membrana (*extrinsic component of membrane*), fotossistema I (*photosystem I*), centro de reação de fotossistema I (*photosystem I reaction centre*), fotossistema II (*photosystem II*) e complexo de fotossistema II envolvendo oxigênio (*photosystem II oxygen evolving complex*). Para os genes reprimidos (*down-regulated*) tivemos um gene relacionado a membrana (*membrane*).

Quanto às categorias GO enriquecidas em relação ao estresse biótico, foram encontrados DEGs reprimidos (*down-regulated*), em relação ao controle não estressado, como homeostase celular de íon ferro (*cellular iron ion activity*), ligante de íon férrico (*ferric ion binding*), atividade de alfa-amilase (*alpha-amylase activity*), atividade de esqualeno monooxigenase (*squalene monooxygenase activity*), atividade fator de transcrição DNA-ligante (*DNA-binding transcription factor activity*) e componente integrante de membrana (*integral component of membrane*). Termos enriquecidos que estavam super expressos (*up-regulated*) compreendiam as categorias de detecção de luz visível (*detection of visible light*), fosforilação de proteína (*protein phosphorylation*), processo de biossíntese de trealose (*trehalose biosynthetic process*), processo de biossíntese de ácido graxo (*fatty acid biosynthesis process*), ligante proteína-cromóforo (*protein-chromophore linkage*), processo biossintético de cisteína a partir de serina (*cysteine biosynthetic process from serine*), ligante de polissacarídeo (*polysaccharide binding*), ligante de proteína (*protein binding*), ligante de ATP (*ATP binding*), ligante de tiamina pirofosfato (*thiamine pyrophosphate binding*), ligante de U6 snRNA (*U6 snRNA binding*), ligante de U5 sn RNA (*U5 snRNA binding*), atividade proteína quinase (*protein kinase activity*), atividade alfa-amilase (*alpha-amylase activity*),

atividade proteína serina-treonina quinase (*protein serine-threonine kinase activity*), atividade ubiquitina-proteína transferase (*ubiquitin-protein transferase activity*), atividade serina o-acetiltransferase (*serine o-acetyltransferase activity*) e atividade cálcio-dependente tipo-cisteína endopeptidase (*calcium-dependent cysteine-type endopeptidase activity*).

O enriquecimento das categorias GO em relação à expressão gênica observada durante o coestresse. Quanto aos DEGs reprimidos (*down-regulated*), tem-se as categorias de atividade oxirredutase (*oxidoreductase activity*), componente integral de membrana (*integral component of membrane*) e membrana (*membrane*). Termos enriquecidos reprimidos (*down-regulated*) contêm homeostase celular de íon ferro (*cellular iron ion homeostasis*), ligante trealose quitina (*trehalose chitin binding*), processo catabólico de quitina (*chitin catabolic process*), processo catabólico de macromolécula da parede celular (*cell wall macromolecule catabolic process*), processo metabólico de guanosina tetrafosfato (*guanosine tetraphosphate metabolic process*), processo metabólico de coenzima-A (*coenzyme-A metabolic process*), ciclo do glioxilato (*glyoxylate cycle*), ligante de quitina (*chitin binding*), ligante de DNA sequência-específica (*sequence-specific DNA binding*), ligante de ferro férrico (*ferric iron binding*), ligante de fosfato piridoxal (*pyridoxal phosphate binding*), atividade inibidora tipo-serina endopeptidase (*serine-type endopeptidase inhibitor activity*), atividade de quitinase (*chitinase activity*), atividade catecol oxidase (*catechol oxidase activity*), atividade hidroximetilglutanil-coa (NADPH) redutase (*hydroxymethylglutanyl-coa reductase activity*), atividade de fator de transcrição DNA-ligante (*DNA binding transcription factor activity*) e matriz extracelular (*extracellular matrix*).

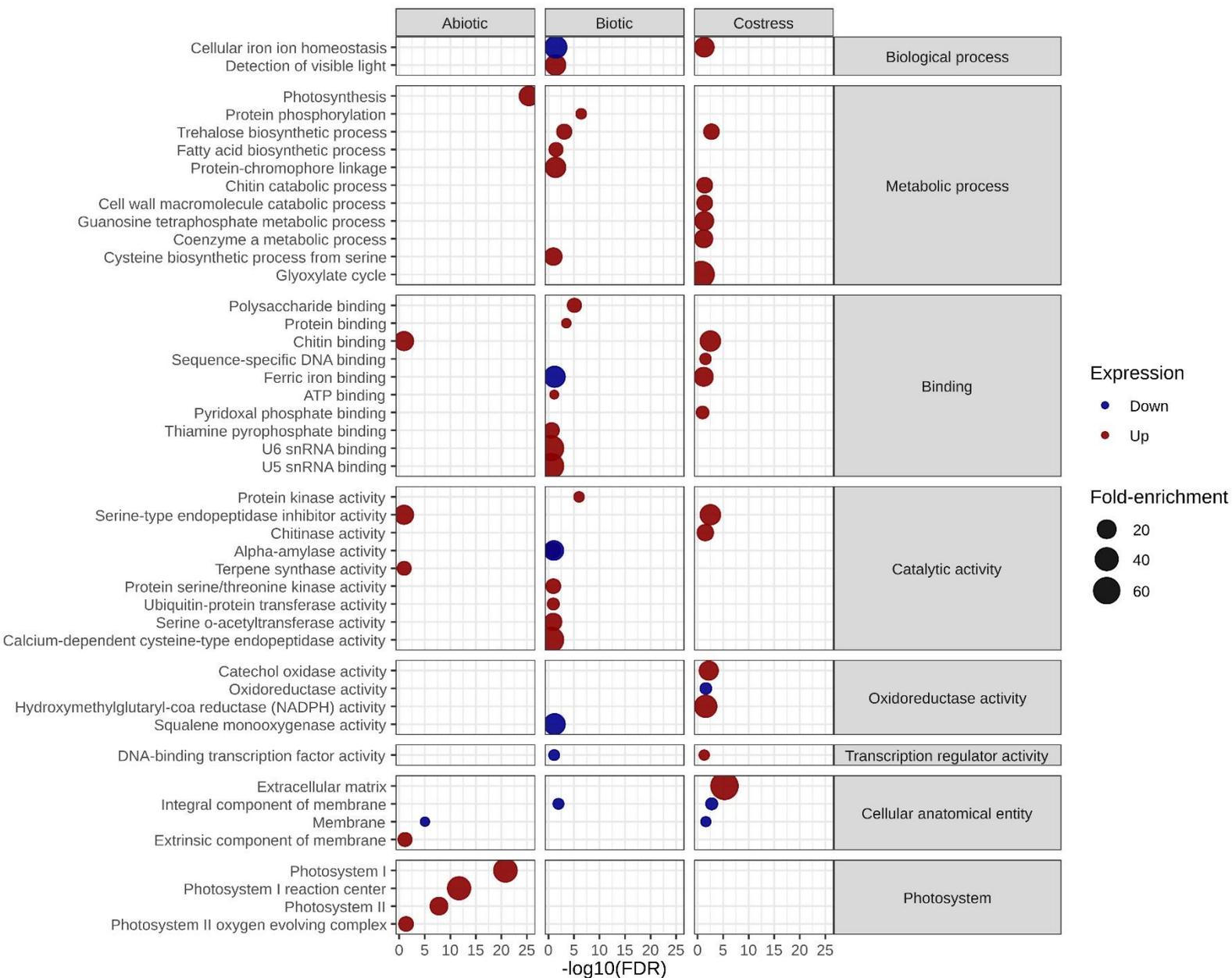


Figura 15: Análise de dados de enriquecimento de ontologia de genes (GO) para genes diferencialmente expressos (DEGs) em *Musa BRS Princesa* nos tratamentos de estresse abiótico, estresse biótico e coestresse, em relação ao controle não estressado. Genes diferencialmente expressos significativos foram considerados quanto ao \log_2 *fold change* de ≥ 2 e probabilidade com $p \leq 0,01$. Os valores do enriquecimento foram comparados aos presentes no genoma de referência *M. acuminata* DH-Pahang.

6.7 Análise global de genes diferencialmente expressos

Uma representação resumida dos genes diferencialmente expressos (DEGs) em *Princesa*, durante os tratamentos de estresse abiótico, estresse biótico e coestresse em relação ao controle, é plotada graficamente como um *heatmap* com análise da hierarquia dos clusters dos padrões de expressão gênica. Tons de vermelho indicam genes com expressão aumentada

e tons de azul indicam genes com expressão reduzida, ambos comparados ao controle (Figura 16).

Os padrões de expressão geral variaram notoriamente entre os tratamentos, com seis grupos de cluster de genes observados em coestresse, sete em estresse abiótico e nove em estresse biótico. Observou-se diferentes padrões de modulação dos genes em cada tratamento, indicando uma resposta consideravelmente diferente da planta em cada situação. Blocos de genes *up-* e *down-regulated* foram observados em todos os tratamentos, com uma maioria de genes *down-regulated* em estresse abiótico e biótico, enquanto o coestresse contrastou apresentando uma maioria dos genes sendo *up-regulated*. Todos os DEGs estatisticamente significantes em relação ao controle estão listados para cada tratamento nos Anexos.

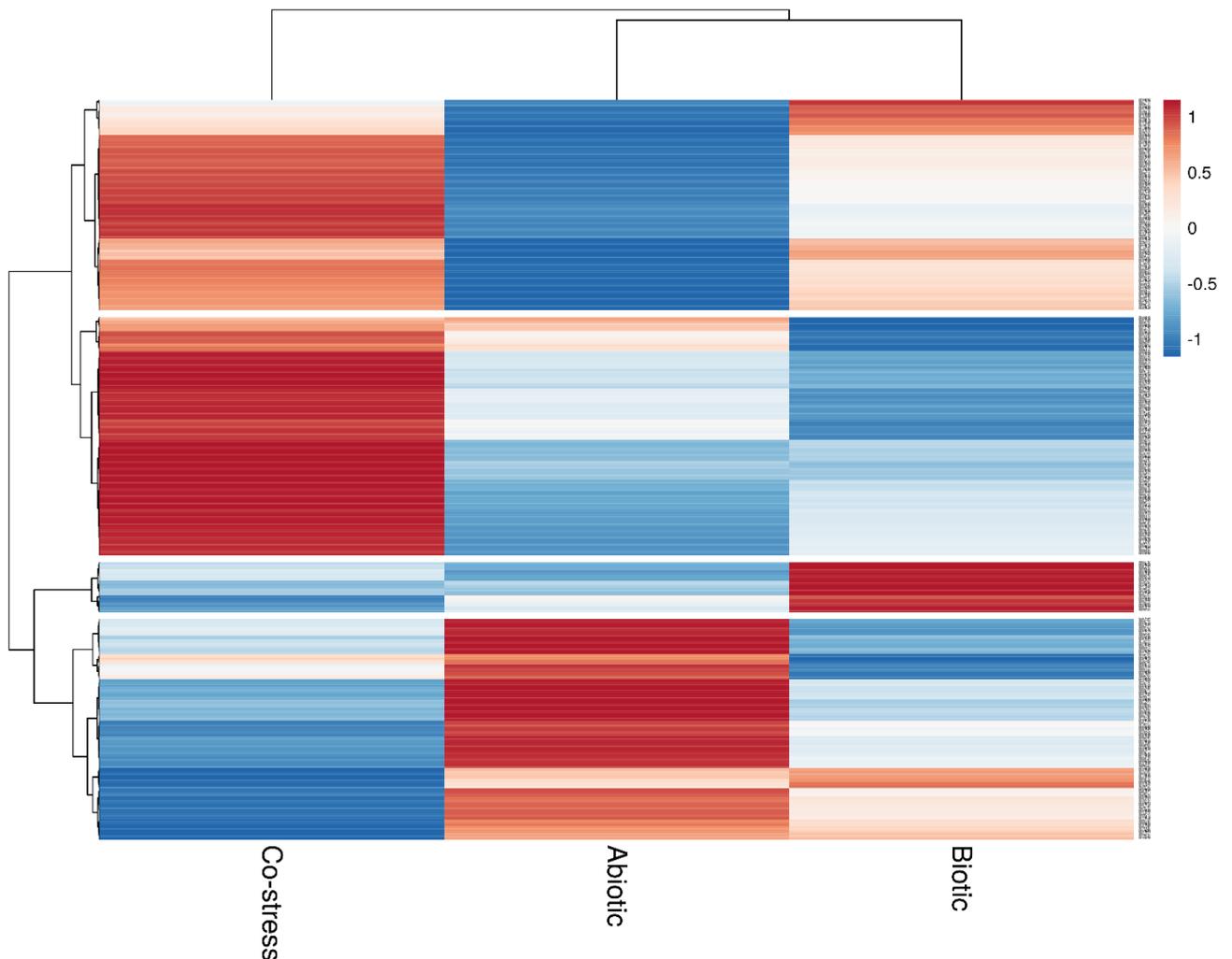


Figura 16: Heatmap dos genes diferencialmente expressos em *Musa* cultivar Princesa em cada tratamento da interação *Musa*-déficit hídrico-*P. musae*. As comparações foram avaliadas a partir dos valores de *Log2Fold Change* de cada tratamento.

6.8 Alterações nos DEGs e no transcriptoma durante estresse abiótico

Dados resumindo todas as mudanças transcriptômicas na variedade híbrida tetraploide BRS Princesa durante estresse abiótico, estresse biótico e coestresse são apresentados na Tabela 9, na Figura 13 e 14 e nas Tabelas em anexo 10, 11, 12, 13, 14 e 15. Como descrito anteriormente, pelo menos sete *clusters* de genes podem ser observados dentro dos DEGs de estresse abiótico. Do total de 419 DEGs *down-regulated* e 514 *up-regulated*, que ocorreram no tratamento do estresse abiótico, vários foram identificados como potencialmente envolvidos na resposta de adaptar-se à seca. Dentre os DEGs super expressos durante a interação com *P. musae*, mais de 100 foram identificados como potencialmente envolvidos, direto ou indiretamente, nas respostas de defesa, baseando se na anotação dos genes ou nas descrições advindas de ontologia de gene.

DEGs associados a fotossíntese compreendem *chlorophyll a-b binding protein of LHCII type 1-like* Ma02_g11170, *transcription factor LUX-like* Ma01_g16650, *chlorophyll a-b binding protein CP26* Ma10_g16290, *chlorophyll a-b binding protein of LHCII type 1-like* Ma09_g06640, *oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic-like* Ma09_g26690, *ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase 2* Ma11_g22640, *ribulose biphosphate carboxylase small chain* Ma06_g11230 e *ruBisCO large subunit-binding protein subunit beta* Ma11_g06010.

DEGs associados a estresse e controle osmótico abrangem *Putative NAC domain-containing protein 21/22* Ma06_g38460 e Ma05_g21000, *non-specific lipid-transfer protein-like protein* At2g13820 Ma02_g19230 e Ma09_g26130, GDSL esterase/lipase At1g74460 Ma06_g04310, *putative lipid-transfer protein DIR1* Ma10_g17100, GDSL esterase/lipase Ma11_g09200, Ma06_g37580, Ma06_g04310, Ma11_g18800, Peroxidase 11 Ma09_g14070 e Ma03_g06220, Peroxidase 20 Ma04_g16720, Peroxidase 35 Ma07_g02740, *heat shock cognate 70 kDa protein-like* Ma10_g22750, *non-specific lipid transfer protein GPI-anchored 1-like* Ma08_g00660, *protein GLUTAMINE DUMPER 3-like* Ma10_g23630, *NAC domain protein*, IPR003441 Ma04_g19710, *iron-sulfur protein NUBPL*, *transcript variant X1* Ma07_g18050.

DEGs associados aos mecanismos ABA independentes compreendem *Dehydration-responsive element-binding protein 1D* Ma04_g26300, *Dehydration-responsive element-binding protein 1E* Ma11_g19990, *Dehydration-responsive element-binding protein 1G*

Ma08_g11720, *DUF21 domain-containing protein* At4g14240-like Ma03_g25970, *Putative Dehydration-responsive element-binding protein* 1D Ma07_g06000.

DEGs associados aos mecanismos ABA dependentes abrangem *Nitrate reductase* [NADH] 1 Ma09_g14900 e Ma03_g07170, *protein ASPARTIC PROTEASE IN GUARD CELL 2-like* Ma03_g03850 e Ma03_g03880, *salt tolerance protein* Ma09_g02300, *serine/threonine-protein kinase* SAPK7-like Ma10_g10660.

DEGs associados a fatores de transcrição que controlam genes de resposta a estresse abiótico compreendem *Myb-related protein* 306 Ma07_g19350, *probable WRKY transcription factor* 11 Ma04_g27250, *probable WRKY transcription factor* 43 Ma06_g22520, Ma04_g24800 e Ma07_g26170, *probable WRKY transcription factor* 53 Ma01_g23360, *Putative Transcription factor* MYB101 Ma05_g20320, *transcription factor* MYB39-like Ma04_g16770.

6.9 Alterações de DEGS e no transcriptoma durante estresse biótico

Como descrito anteriormente, pelo menos nove *clusters* de genes podem ser observados dentro dos DEGs do estresse biótico. Do total de 556 DEGs *down-regulated* e 345 *up-regulated*, que ocorreram no tratamento de estresse biótico, vários foram identificados como potencialmente envolvidos na resposta de defesa contra o avanço do patógeno. Dentre os DEGs super expressos durante a interação com *P. musae*, mais de 100 foram identificados como potencialmente envolvidos, direto ou indiretamente, nas respostas de defesa, baseando-se na anotação dos genes ou nas descrições advindas de ontologia de gene. Genes diversos estavam envolvidos nas respostas de imunidade vegetal, desde superfície celular até respostas de PTI e ETI.

DEGs associados a parede celular vegetal abrangem citocromo P450 86b1-like Ma10_g16720, Ma04_g33170, *extensin-1-like* Ma02_g08490, provável *beta-1,4-xylosyltransferase* IRX9H Ma11_g21240, e um provável *xyloglucan glycosyltransferase* 9 Ma04_g29650. DEGs potencialmente envolvidos em biossíntese de cera e deposição incluem 3-ketoacyl-CoA sintase Ma04_g22350, Ma04_g24510, Ma03_g02070 e Ma10_g18030.

DEGs associados a PTI *down-regulated* foram abundantes incluem BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1-like Ma02_g05100 e Ma11_g15160, leucine rich repeat protein Ma10_g00470, leucine-rich repeat receptor protein kinases Ma06_g10810, Ma01_g01830, Ma06_g29910, Ma06_g 29920, Ma02_g07950, Ma04_g22780, Ma03_g29840, Ma03_g29000, Ma07_g19540, Ma06_g10800, Ma06_g10830,

Ma06_g10820 e Ma06_g10790, Ma03_g10830, Ma04_g17770, Ma04_g17920, Ma04_g22770, Ma09_g22650, Ma07_g12530, Ma02_g18240, Ma06_g18200, Ma04_g02500, Ma04_g17910, Ma04_g20600, Ma04_g18790, Ma06_g08230 e Ma06_g37840, L-type lectin-domain containing receptor kinase S.5 Ma07_g22190 e Ma00_g05050, receptor-like protein kinase THESEUS 1 Ma09_g02840, lysM domain receptor-like kinase 3 Ma01_g18140, lysM domain receptor-like kinase 4 Ma05_g10020 e Ma02_g01210, mitogen-activated protein kinase 10-like Ma01_g05530, e mitogen-activated protein kinase kinase 9-like Ma08_g18850.

DEGs associados a ETI *down-regulated* incluem nematode resistance protein-like HSPRO2 Ma11_g22440 e Ma10_g05760, putative disease resistance protein RGA3 Ma04_g37570 e Ma06_g36620, putative disease resistance protein RGA4 Ma01_g07540, e putative Disease resistance protein RPM1 Ma08_g31160.

DEGs envolvidos em sinalização por fitormônios também foram aparentes, incluindo os envolvidos em sinalização de ácido abscísico (ABC transporter C Family member 5-like Ma05_g27730, nuclear transcription factor Y subunit C-4-like Ma06_g18110, Putative ABSCISIC ACID-INSENSITIVE 5-like protein 3 Ma06_g05830), sinalização de ácido giberélico (DELLA protein SLR1-like Ma02_g24350 e Ma01_g14650, gibberellin 20 oxidase 2-like Ma06_g27710), sinalização de auxina (auxin response factor 18-like, transcript variant X3 Ma08_g14910, auxin transport protein BIG Ma01_g12400, auxin-repressed 12.5 kDa protein-like Ma09_g13770), sinalização de ácido jasmônico (primary amine oxidase-like Ma08_g19930), sinalização de etileno (Putative AP2 domain containing protein Ma08_g19600, Putative Ethylene-responsive transcription factor 1B Ma11_g20400, putative Ethylene-responsive transcription factor ERF061 Ma04_g24880, Putative Ethylene-responsive transcription factor RAP2-4 Ma09_g12570, two-component response regulator ARR2-like Ma11_g05080), sinalização de ácido salicílico (wall-associated receptor kinase 2-like Ma09_g18370, Ma02_g12770).

Fatores de transcrição potencialmente envolvidos em respostas a estresse biótico incluem probable WRKY transcription factor 11 Ma06_g05390, probable WRKY transcription factor 70 Ma06_g01030, transcription factor MYC3-like Ma11_g21710, and transcription factor TCP8-like Ma10_g10740, and Ma06_g19230.

Genes envolvidos em respostas a estresses oxidativos compreendem Class 1 heat shock protein Ma01_g14490, peroxidase 12 Ma03_g02760, respiratory burst oxidase homolog protein B Ma10_g12530, thioredoxin-like 1-2, chloroplastic Ma06_g33950, Ma10_g25700 e Ma05_g07370.

DEGs *down-regulated* associados à biossíntese de flavonol/flavonoide/fenilpropanoide compreendem caffeic acid 3-O-methyltransferase-like Ma10_g09050, chalcone synthase Ma05_g19020, curcumin synthase 2 Ma02_g24860, cytochrome P450 85A1-like Ma11_g20170, F-box/kelch-repeat protein At1g80440-like Ma05_g27150 e Ma07_g13140, F-box/kelch-repeat protein At2g44130-like Ma09_g07760, e isoflavone 2'-hydroxylase-like Ma06_g32480.

E diversos genes potencialmente envolvidos em respostas de defesa foram observados, como E3 ubiquitin-protein ligase ATL31-like Ma03_g21210 e Ma05_g17560, germin-like protein 5-1 Ma01_g17230, germin-like protein 8-14 Ma09_g15510, glucan endo-1,3-beta-glucosidase 3-like Ma04_g14970, lysine histidine transporter 1-like Ma11_g25080, phytochrome B Ma03_g08280, topless-related protein 1-like Ma01_g01500, tubby-like F-box protein 5 Ma02_g24830 e wounding response-associated calcium-binding protein CML38-like Ma05_g25420.

6.10 Alterações de DEGS e no transcriptoma durante coestresse

Como descrito anteriormente, pelo menos seis *clusters* de genes podem ser observados dentro dos DEGs do coestresse. Do total de 438 DEGs *down-regulated* e 125 *up-regulated*, que ocorreram no tratamento do coestresse, vários foram identificados como potencialmente envolvidos na resposta de defesa contra o avanço do patógeno e na resposta de adaptar-se à seca. Dentre os DEGs super expressos durante a interação com *P. musae*, mais de 80 foram identificados como potencialmente envolvidos, direto ou indiretamente, nas respostas de defesa e mais de 50 nas respostas à seca, baseando se na anotação dos genes ou nas descrições advindas de ontologia de gene.

DEGs potencialmente associados a fotossíntese foram observados, como alanine-glyoxylate aminotransferase 2 homolog 3, mitochondrial-like Ma05_g08240, glucose-6-phosphate/phosphate translocator 2, chloroplastic-like Ma09_g11360, pyruvate phosphate dikinase, chloroplastic-like Ma02_g03830 e Ma03_g26110, ferritin-1 and ferritin-3 chloroplastic-like Ma11_g22110 e Ma06_g01180, ferric reduction oxidase 7, chloroplastic-like Ma11_g09710, protein STAY-GREEN, chloroplastic-like Ma02_g05320 e Ma01_g03010.

DEGS potencialmente envolvidos em respostas à seca compreendem UPF0496 protein 1-like Ma01_g16030 e Ma11_g11160, desiccation-related protein PCC13-62-like Ma08_g30710, homeobox-leucine zipper protein HAT5-like, transcript variant X1

Ma07_g09560 e Ma10_g27340, caffeoylshikimate esterase-like Ma08_g02480, ABC1 kinase Ma01_g00220, ABC transporter G family member 39-like Ma01_g03380, Probable aquaporin TIP1-1 Ma08_g12690.

DEGs potencialmente envolvidos em repostas aos fitormônios compreendem sinalização de ácido abscísico (Ma06_g08840, Ma03_g19830, Ma06_g27170, Ma06_g27250, Ma11_g10440, Ma09_g16080, Ma10_g12340, Ma09_g00170, Ma04_g26300, Ma01_g13020, Ma07_g06000, Ma05_g05820, Ma08_g23440, Ma10_g17720, Ma03_g28560, Ma08_g17680, Ma06_g11440, Ma10_g19600, Ma03_g29420, Ma09_g06720), sinalização de ácido giberélico (Ma02_g18510, Ma08_g15080, Ma06_g17630, Ma11_g18690, Ma11_g19990), sinalização de auxina (Ma05_g04310, Ma09_g13930, Ma04_g12460, Ma10_g01920, Ma04_g38490, Ma05_g11740, Ma08_g12940, Ma09_g16720, Ma10_g23690, Ma08_g02810, Ma01_g04210), sinalização de ácido jasmônico (Ma08_g09870, Ma05_g03850), sinalização de etileno (Ma05_g09690, Ma11_g20400, Ma11_g09750, Ma06_g24790, Ma01_g00530, Ma07_g06960).

DEGs potencialmente envolvidos em resposta de defesa ao fungo compreendem chitinase-like Ma03_g28030, Ma03_g28020 e Ma09_g26030, cathepsin B-like Ma03_g25940, glucan endo-1,3-beta-glucosidase-like Ma08_g23160, pathogenesis-related protein-like Ma02_g15080, Ma04_g29640, Ma08_g34150 e Ma06_g18530, phosphatidylinositol:ceramide inositolphosphotransferase-like, transcript variant X3 Ma06_g16640, protein P21-like Ma06_g33150, putative glucan endo-1,3-beta-glucosidase GVI, transcript variant X2 Ma05_g07840, probable L-type lectin-domain containing receptor kinase S.5 Ma09_g11910 e Ma07_g22190, serine/threonine-protein kinase PBS1 Ma10_g31270, protein NRT1/ PTR FAMILY 5.2-like Ma05_g12690, 1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase Ma06_g14370, Ma00_g04490 e Ma03_g02700, anthranilate O-methyltransferase 3-like Ma07_g21830 e Ma07_g21820, proline dehydrogenase 1, mitochondrial-like Ma05_g23060, plasma membrane-associated cation-binding protein 1-like Ma03_g03160, pathogenesis-related protein PR-4-like Ma06_g03120, lysM domain receptor-like kinase 3 Ma01_g18140, ethylene-responsive transcription factor ERF114-like Ma06_g09740, probable WRKY transcription factor 50, transcript variant X1 Ma07_g09530, Beta-fructofuranosidase, insoluble isoenzyme Ma10_g15800.

Fatores de transcrição potencialmente envolvidos em repostas a estresse biótico incluem transcription factor MYB108-like Ma09_g15940, Ma08_g17860, Ma03_g08300 e Ma06_g11270, heat stress transcription factor B-2b-like Ma04_g35590.

DEGs potencialmente envolvidos em resposta a machucados foram observados como 3-oxo-Delta(4,5)-steroid 5-beta-reductase-like, transcript variant X2 Ma03_g31390, glu S.griseus protease inhibitor-like Ma04_g13620, wound induced protein, putative, expressed Ma09_g30640.

6.11 Análise de abertura estomática por microscopia de varredura

A fim de compreender melhor os mecanismos de defesa da planta, principalmente os ABA dependentes, foi analisada a abertura estomática das folhas de bananeira. Com essa análise, é possível entender e comparar os diferentes comportamentos da planta dentro dos tratamentos de estresse abiótico, estresse biótico e coestresse, podendo comparar com o controle não estressado.

Percebe-se que os estômatos do controle estão ligeiramente abertos, sugerindo que tal abertura estomática é o esperado de uma planta no campo em condições não estressadas. No estresse abiótico, os estômatos estão completamente fechados, sendo esse um comportamento esperado para a planta visto a falta de água no solo, sendo essa uma das principais medidas a curto prazo que a planta pode tomar para impedir a perda de água.

No estresse biótico, os estômatos apresentam uma abertura, porém menor que a média de abertura dos estômatos do controle. Esse comportamento é esperado, visto este ser um mecanismo para barrar a entrada do *P. musae*, uma vez que o mesmo infecta as plantas adentrando seus estômatos e crescendo nessa região com alta umidade. No coestresse os estômatos apresentam uma ligeira abertura, similar à do controle.

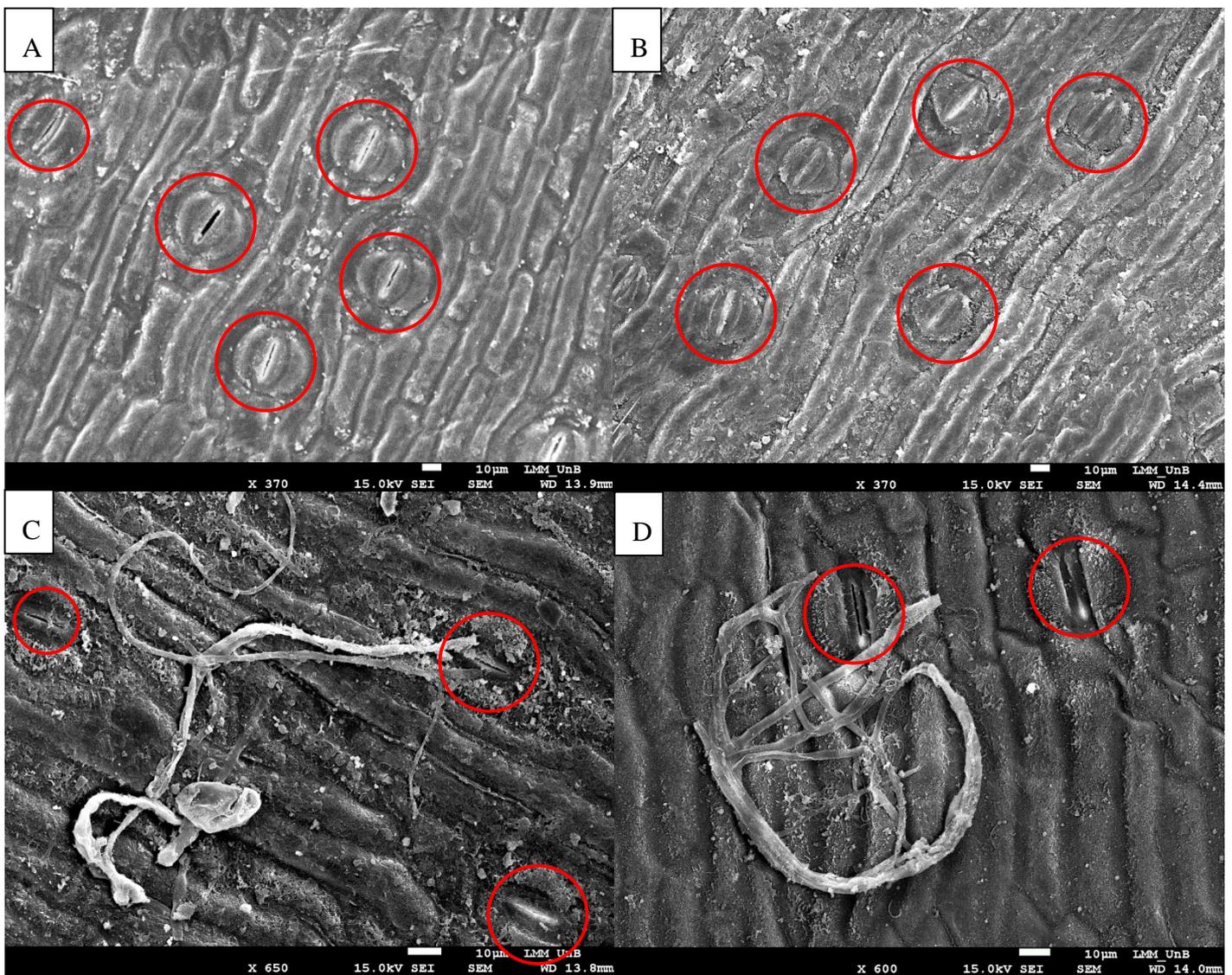


Figura 17: Microscopia eletrônica de varredura (MEV) mostrando a abertura estomática nas folhas de banana. Tecidos dos tratamentos controle (A), estresse abiótico (B), estresse biótico (C) e coestresse (D).

6.12 Avaliações fisiológicas durante estresses abiótico, biótico e coestresse

Estão em andamento as avaliações fenotípicas dos genótipos quanto os principais parâmetros de estresse hídrico, tais como as taxas fotossintéticas ($\text{mmol CO}_2 \text{ m}^{-2} \text{ s}^{-1}$, como taxa líquida de trocas de CO_2 por unidade de área foliar), radiação fotossinteticamente ativa ($\text{mmol fótons m}^{-2} \text{ s}^{-1}$), a taxa de transpiração (em $\text{mmol m}^{-2} \text{ s}^{-1}$), os valores de resistência estomática (s cm^{-1}), e as concentrações de ácido abscísico (<https://pag.confex.com/pag/xxvii/meetingapp.cgi/Paper/33532>). Na análise fisiológica de Musa BRS Princesa, foram coletados dados de eficiência fotossintética, de condutância estomática e umidade do solo em 3 momentos diferentes, totalizando 25 dias de bioensaio.

Como esperado, nos tratamentos de déficit hídrico e coestresse, houve uma queda nos parâmetros analisados, enquanto no tratamento inoculado com *P. musae*, os valores apresentaram uma queda em condutividade e eficiência fotossintética menores que nos

tratamentos de estresse abiótico e coestresse, porém com a umidade do solo mantendo-se estável (Figura 18).

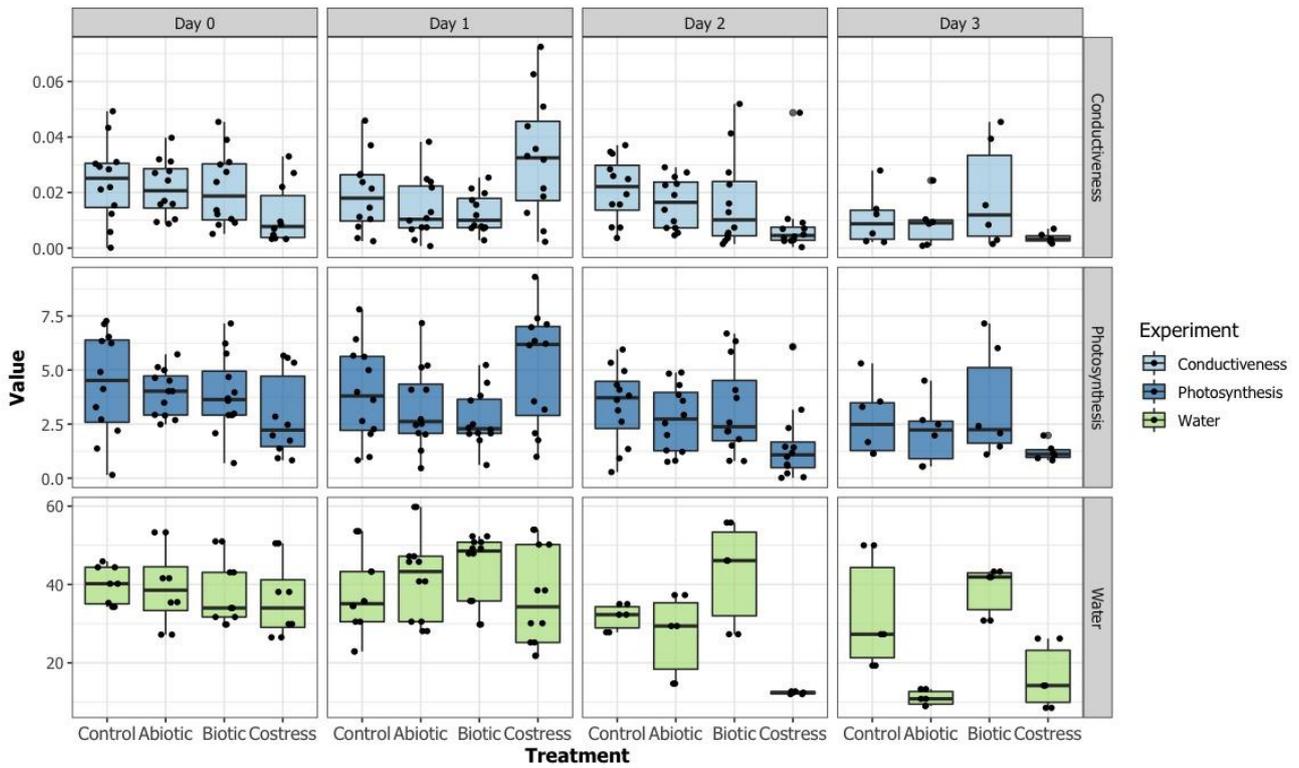


Figura 18: Análise fisiológica das plantas ao longo do bioensaio. Foram aferidos 4 pontos sendo o dia zero (Day 0), 17 dias de tratamento (Day 1), 22 dias de tratamento (Day 2) e 25 dias de tratamento (Day 3). Foram aferidos três parâmetros das plantas, a condutividade (*Conductiveness*), a eficiência fotossintética (*Photosynthesis*) e a umidade do solo (*Water*).

7 Discussão

Respostas à seca

É conhecido que as plantas possuem diferentes mecanismos para responderem em situações de seca, sendo ele de curto, médio e longo prazo. Dentre eles, os mais evidentes são os genes ligados à fotossíntese, os fatores de transcrição, as vias ABA-dependente e ABA-independente e o controle osmótico.

Quanto aos mecanismos ligados ao controle da taxa fotossintética, percebe-se a ação de super expressão da mesma, a fim de compensar os gastos energéticos providos dos mecanismos de tolerância à seca e consequentemente a perda de água pela planta. Alguns dos genes à fotossíntese presentes no trabalho foram, *light-harvesting complex* (LHC), regulação de fotossistema II e ativação da RuBisCO super expressos.

Como mecanismo das vias ABA-independentes, temos o íon de cálcio Ca^{2+} como um importante agente na transdução do sinal, assim como no fechamento estomático. Neste trabalho foram destacados alguns fatores de transcrição como proteína responsiva a desidratação elemento ligante 1D, 1E e 1G, e proteína contendo domínio DUF21, estando esses genes significativamente reprimidos.

Em estudos prévios, existem evidências da importância do fitormônio ácido abscísico (ABA) na tolerância aos estresses abióticos, principalmente a seca. Entretanto também é reconhecido seu papel no reconhecimento de patógenos e defesa da planta (PIETERSE *et al.*, 2009; CAO *et al.*, 2011), uma vez que o ABA possui ação reguladora sobre o fechamento estomático, regulando o inturgescimento das células guarda, contribuindo para o bloqueio da entrada de patógenos, além de agir antagonicamente sobre a via de ácido salicílico (AS), contribuindo assim para a supressão desencadeada pela via PTI e ETI (CAO *et al.*, 2011; LI *et al.*, 2014).

Nas vias ABA-dependentes temos o ABA e outros fitormônios como etileno e ácido salicílico como principais mecanismos de transdução de sinal e fechamento estomático. Nesse trabalho tivemos genes que codificam protease aspártica nas células guarda, nitrato redutase [NADH], serina/treonina-proteína quinase e proteína de tolerância a sais.

Genes de fatores de transcrição (TF) codificam proteínas que se ligam a sequência de DNA alvo, afetando a taxa de transcrição do gene. Anteriormente, Muthusamy *et al.* (2016) observou uma taxa maior de indução de TFs em genótipos de *Musa* sensíveis, durante estresse hídrico, em comparação com genótipos tolerantes, indicando potencialmente uma maior reprogramação transcricional em genótipos sensíveis. Ainda nesse estudo, foram usadas a

cultivar tolerante *M. acuminata* Saba (ABB) e a sensível *M. acuminata* Cavendish Grande Naine (AAA), eles observaram vários DEGs de 46 famílias de TFs, incluindo Myb, NAC, WRKY, bHLH, bZIP, ERF e HSF. Quanto a relação dos TFs na relação Princesa-*P. musae*, assim como em outras espécies de plantas (e.g. SINGH and LAXMI, 2015; WANG *et al.*, 2021), alguns desses genes foram observados em resposta à seca, incluindo proteínas relacionadas a Myb e fatores de transcrição WRKY. Em *Arabidopsis* e *Oryza*, a família Myb foi relatada como agente na sinalização de ABA, regulando o movimento estomático e consequentemente a perda de água (YANHUI *et al.*, 2006).

Quanto às respostas ao estresse osmótico é importante elencar o gene Ma02_g24830 que produz uma *tubby-like* F-box protein. As *tubby-like* proteins estão envolvidas em diversos processos biológicos como crescimento, desenvolvimento e resposta a estresses bióticos e abióticos. É reconhecido que na superexpressão de TLPs de pepino em *Arabidopsis*, ocorre um aumento da sensibilidade de ABA na planta principalmente nos mecanismos de fechamento estomático mediados por ABA, além de regular os mecanismos mediados por estresse osmótico, afetando enzimas com atividade antioxidante (LI *et al.*, 2021).

Outro mecanismo muito importante na resposta ao estresse hídrico é o controle do armazenamento e manejo do ferro na forma de ferritina. Sendo essencial para receber e doar elétrons dentro da célula, principalmente nas cadeias de transporte do elétron da fotossíntese. Porém quando acumulado, o ferro é tóxico, catabolizando a reação Fenton gerando radicais hidroxila, que por sua vez podem danificar lipídios, proteínas e DNA. Neste trabalho é notória a presença de alguns genes envolvidos nesses mecanismos de homeostase do ferro (CONNOLLY *et al.*, 2002).

O estresse oxidativo é bem estabelecido como envolvido tanto em estresses bióticos como abióticos, assim como também é clara a importância do balanço na criação e na neutralização dos ROS para respostas de tolerância a estresses. Os ROS são importantes mecanismos de sinalização de estresse, porém com acúmulo do mesmo e a presença de metais de transição, como Fe^{2+} , ocorre a oxidação de componentes celulares podendo levar a morte da célula (KAR, 2011).

Aquaporinas também tem a sua função na manutenção da homeostase de água e consequentemente estão ligadas ao estresse hídrico e sua tolerância. Aquaporinas são responsáveis pelo transporte passivo de água e outros solutos como CO_2 , NH_3 , antimônio, arsenito, boro, formamida, glicerol, peróxido de hidrogênio, ácido lático, silício e uréia. ABA e estresse hídrico regulam a maioria das aquaporinas a nível transcricional. Em *Oryza*, o

aumento da tolerância à seca estava associado à suplementação de amônia associada à regulação de aquaporinas. Neste trabalho podemos elencar três genes associados a aquaporinas na família das proteínas intrínsecas do tonoplasto (TIPs) (ZARGAR *et al.*, 2017).

Um maior entendimento dos mecanismos de tolerância à seca em banana é extremamente necessário, principalmente a nível molecular, a fim de possibilitar avanços no melhoramento da cultura a estresse hídrico. Nesse estudo, evidências consideráveis foram observadas com base em expressão diferencial de genes identificados para futura validação quanto ao seu envolvimento em respostas de tolerância ao estresse hídrico.

Níveis de imunidade da planta

Plantas são conhecidas por possuírem um sistema imune inato de dois níveis, conhecidos como imunidade desencadeada por padrões (PTI) e imunidade disparada por efetores (ETI), sendo cada nível disparado por diferentes mecanismos celulares e envolvendo diferentes cascatas de sinalização (JONES *et al.* 2006; CHISHOLM *et al.*, 2006). O PTI é iniciado com o reconhecimento de padrões microbianos conservados através de receptores reconhecedores de padrões (*pattern-recognition receptors*, PRRs) presentes na superfície da célula que incluem *receptor-like kinases* (RLKs) e *receptor-like proteins* (RLPs). A ativação de tais receptores resulta na sinalização intracelular e respostas de defesa da planta. Dentre elas tem-se espécies reativas de oxigênio (ROS), deposição de plaquetas de calose (VOIGT, 2014), fechamento estomático (THOR *et al.*, 2020), proteína quinase ativada por cascatas de mitógeno (MAPK), sinalização de Ca^{2+} (CHISHOLM *et al.*, 2006; DANGL *et al.*, 2013; LI *et al.*, 2016; NGOU *et al.* 2022), ativação de fatores de transcrição específicos relacionados a defesa (LAL *et al.*, 2018), superexpressão de genes de fitormônios como etileno (ET) e ácido salicílico (AS), juntamente com a produção de compostos antimicrobianos (BIGEARD *et al.*, 2015; GUAN *et al.*, 2015; BJORNSEN *et al.*, 2021).

ETI, em contraste, começa o reconhecimento de proteínas patogênicas efectoras por ligantes de nucleotídeos intracelulares, receptores enriquecidos em repetições de leucina (NLRs) (YU *et al.*, 2017; COUTO *et al.*, 2016; SPOEL *et al.*, 2012; CUI *et al.*, 2015). A jusante, respostas de defesa por ETI envolvem o fluxo de íon cálcio e espécies reativas de oxigênio, modulação de ácido salicílico e ácido jasmônico (CREELMAN *et al.*, 1995) e acúmulo de proteínas relacionadas a patógenos (PR) (GURURANI *et al.*, 2012). A imunidade disparada por efetores também pode induzir uma resposta hipersensibilidade para limitar a dispersão do patógeno (JONES *et al.*, 2006; COLL *et al.*, 2011; CUI *et al.*, 2015; NGOU *et al.*, 2021). Subsequentemente, a resistência sistêmica adquirida (SAR) vai gerar uma resposta

ampla e de longa duração para manter a resistência a possíveis recorrências de ataques patogênicos à planta (DONG *et al.*, 2001; SPOEL *et al.*, 2012). A sinalização de SAR pode incluir ácido salicílico, metil ácido salicílico, auxina, óxido nítrico, ROS e proteínas de transferência de lipídeos (GAO *et al.*, 2015).

Nesse estudo, o enriquecimento de genes, o *heatmap* global e os blocos de dados de DEGs, fornecem evidências de um diverso potencial de respostas imunes contra *P. musae* no cultivar híbrida *Musa* BRS Princesa.

É conhecido que a composição de cera nas folhas varia dentre os genótipos de *Musa* e é considerada uma barreira importante contra a penetração de fungos patogênicos (SAMPANGI-RAMAIHAH *et al.*, 2016, 2019; WANG *et al.*, 2020), potencialmente influenciando a adesão e a germinação dos conídios do fungo (CARVER *et al.*, 2006). São conhecidos alguns genes que participam na síntese e no transporte dos componentes dessa cera para as cutículas da folha, como *ketoacyl synthase protein*, *acyl-carrier protein*, *Eceriferum protein* e *ABC-type transporters*. Em estudo prévio sobre o transcriptoma da resposta de resistência em *M. acuminata* ssp. *burmannicoides* cv Calcutta 4 a *P. musae*, durante as primeiras 72 horas de interação planta-patógeno, ocorreu a superexpressão de genes de *ketoacyl synthase proteins*, *acyl-carrier proteins* e *Eceriferum proteins* (PINHEIRO *et al.*, 2020). Semelhantemente, *ABC-type transporters* foram identificados em *M. acuminata* Manoranjitham após infecção por *P. musae* (UMA *et al.*, 2016). Nesse caso, quatro 3-cetoacil-CoA sintase estavam *down-regulated* em Princesa durante a interação.

A repressão de genes envolvidos na biossíntese e organização da parede celular também foi observado na interação *Musa-P. musae*, com diversos genes que codificam enzimas ligadas a biossíntese de lignocelulose, conforme descrito anteriormente por Pinheiro, 2020. Foram encontrados DEGs associados a parede celular tais como citocromo P450, extensina, beta-1,4-xylosyltransferase e xiloglucano glicosiltransferase.

Um total de 36 genes codificadores de RLK e RLP estavam significativamente *down-regulated* durante a interação Princesa-*P. musae*, mostrando evidências de resposta PTI ao patógeno. Tal ativação similar a essa já foi observada na interação *M. acuminata* ssp. *burmannicoides* cv Calcutta 4 – *P. musae* (PINHEIRO, 2020) e durante a resposta de defesa basal de *M. acuminata* genótipo 4297-06 a *M. incógnita* (CASTAÑEDA *et al.*, 2017). Genes codificadores de proteína quinase ativadora de mitógeno 9 e 10 também foram observados dentre os DEGs, com potencial envolvimento na resposta PTI. Anteriormente, um MKK9 foi identificado como diferencialmente expresso em resposta de Calcutta 4 a *P. musae* (PINHEIRO, 2020). Genes MKK9 são conhecidos por estarem envolvidos em indução de

etileno, biossíntese de fitoalexina, sinalização de ABA, sinalização de Ca e ROS (XU *et al.*, 2008; YOO *et al.*, 2008; JAMMES *et al.*, 2009; NOMURA *et al.*, 2012; SHARMA *et al.*, 2021).

Um total de seis DEGs associados a ETI foram caracterizados neste estudo, incluindo RPM1. Homólogos desse gene foram observados super expressos em respostas de resistência, em *M. balbisiana* durante interação com *Xanthomonas campestris* pv. *musacearum* (TRIPATHI *et al.*, 2019) e em Calcutta 4 durante interação com *P. musae* (PINHEIRO, 2020).

Numerosos DEGs envolvidos na sinalização por fitormônios estavam *down-regulated* na interação Princesa-*P. musae*. Desses, três estavam envolvidos na sinalização de ABA, três na sinalização de ácido giberélico, quatro na sinalização de auxina, um na sinalização de ácido jasmônico, cinco na sinalização de etileno e dois na sinalização de ácido salicílico. Tipicamente ácido salicílico e ácido jasmônico são considerados como agentes antagônicos, com envolvimento em diferentes mecanismos de defesa de acordo com a ação do patógeno. Respostas baseadas em sinalização por ácido salicílico são tipicamente mais efetivas contra patógenos biotróficos e hemibiotróficos, e envolvido em HR seguido por SAR. Já a sinalização por ácido jasmônico, em contraste, envolve proteínas produtoras de PR e metabólitos secundários para combater patógenos e insetos necrotróficos (GLAZEBROOK, 2005; VERHAGE *et al.*, 2010; MARCHIVE *et al.*, 2013).

Fatores de transcrição WRKY são conhecidos por terem funções importantes nas respostas imunes vegetais (PANDEY *et al.*, 2009; RUSHTON *et al.*, 2010), com considerável superexpressão observada em interações iniciais de Calcutta 4-*P. musae* (PINHEIRO, 2020). Quanto à interação Princesa-*P. musae*, foram observados dois fatores de transcrição WRKY *up-regulated*. Outros fatores de transcrição também *up-regulated* incluem um gene MYC3 e dois fatores de transcrição TCP8.

Tanto nas respostas imunes PTI como nas ETI, ocorre a produção de espécies reativas de oxigênio. Estudos prévios em *Musa* mostram a expressão de genes associados com ROS durante interações com o patógeno, como peroxidases, *heat shock protein*, galactinol sintase, retículo oxidase e tioredoxina durante a interação entre Calcutta 4 e *P. musae* (PINHEIRO, 2020). Peroxidases também estavam *up-regulated* durante a interação Calcutta 4 e *P. musae* (PASSOS *et al.*, 2013), *M. acuminata* Cavendish cv. Guijiao 9 e *F. oxysporum* f. sp. *cubense* Tropical race 4 (SUN *et al.*, 2018). Enquanto na interação Princesa-*P. musae* foram encontrados seis genes codificando peroxidases, *heat shock proteins* e tioredoxinas foram observados como reprimidos.

Metabolismo secundário também atua como um mecanismo chave na imunidade vegetal, participando na indução de SAR, que inclui a biossíntese de ácido salicílico e substâncias antimicrobianas vegetais como fitoalexinas, por exemplo. Nesse trabalho uma total de oito DEGs associados a flavonóis / biossíntese de flavonoides / biossíntese de fenilpropanoides estavam *down-regulated* em Princesa, codificando ácido cafeico 3-O-metiltransferase, chalcona sintase, curcumina sintase, citocromo P450 85A1 e F-box/*kelch-repeat protein*. Estudos prévios na interação Calcutta 4-*P. musae* observaram uma super expressão de genes envolvidos em metabolismo secundário, como aqueles que codificam fenilalanina amônia-liase (PAL) e 4-coumarato-CoA ligase (PASSOS *et al.*, 2013). Pinheiro (2020) também reportou (3S,6E)-nerolidol sintase 1, fator de transcrição BEE, proteína dirigente 21, flavona O-metiltransferase 1, isoflavona 2-hidroxilase-like e vários genes codificadores de citocromos P450.

Mecanismos de sobrevivência ao coestresse

O coestresse é uma situação que mais se aproxima da realidade das plantas no campo, que normalmente estão expostas a diversos estresses, e não a apenas um estresse isolado como é reportado na grande maioria dos artigos. Conforme discutido anteriormente, a resposta gerada no estresse hídrico tem os seus mecanismos de ação, que em parte são diferentes dos mecanismos envolvidos na resposta ao contato com *P. musae*. Porém uma parte dos genes e das vias de sinalização das duas respostas acabam sendo os mesmos nos dois tratamentos, como vias de ABA, ROS e fatores de transcrição.

Após análises dos *sets* de genes, principalmente com a análise de *heatmap*, foi possível perceber que em cv Princesa, quando na presença dos dois estresses concomitantemente, ocorre uma resposta molecular completamente diferente do que a combinação da resposta de cada estresse. Como é possível perceber no *heatmap*, a grande maioria dos genes analisados estão sendo regulados positivamente, enquanto nos outros dois estresses isolados, a maioria dos genes estão reprimidos. Isso mostra que os efeitos da combinação de estresses não são aditivos, produzindo efeitos que não poderiam ser previstos apenas estudando cada estresse individualmente.

Como principal motivo que pode estar envolvido nesse novo tipo de resposta, tem-se os mecanismos de sinalização que são compartilhados entre os estresses, tanto efeito aditivo, subtrativo ou combinatório, além de genes e vias metabólicas que só são ativadas quando na combinação de estresses. Tal comportamento também já foi elucidado em outras plantas como

amendoim (MOTA *et al.*, 2021), arroz (ATKINSON *et al.*, 2012) e em banana (ZHANG *et al.*, 2019).

O ácido abscísico é um dos mecanismos chave em resposta a seca controlando a abertura estomática, porém ele também tem auxilia em estresses bióticos contra patógenos que adentram os estômatos, como é o caso do *P. musae*. Mostrando ABA como uma das possíveis vias na qual ocorre interação nas respostas aos diferentes estresses, agindo como um regulador global em respostas a estresses, além de permitir o controle pela planta em priorizar a resposta a estresse biótico ou abiótico dependendo de qual é mais severo no momento (ASSELBERGH *et al.*, 2008). Nesse tratamento foram encontrados mais de 20 genes ligados à via de ABA, sendo 7 super expressos e ligados à sinalização ativada por ácido abscísico.

Dentre os genes ligados a ABA super expressos tem-se proteínas *zinc finger*, fator de transcrição HY5, proteína ligante elemento responsivo a desidratação 1D, galactinol sintase 1 e mecanismos de regulação negativa das vias de ABA como proteína *FAF-like* e *NSP-interacting*.

Foram observados 43 genes relacionados a resposta de defesa na planta, sendo dois regulados positivamente e 41 reprimidos. Demonstrando que havia uma prioridade em lidar com o estresse abiótico em relação ao biótico, uma vez que este estresse estava tendo maior impacto na planta.

Espécies reativas de oxigênio (ROS), também apresentam papéis principais na mediação de respostas a estresse abiótico e biótico. Contudo, as respostas do estresse abiótico focam na produção de antioxidantes e enzimas *ROS-scavenging* a fim de combater os ROS acumulados devido a estresse osmótico (MOTA *et al.*, 2021). Em contraste, no estresse biótico, a planta produz ativamente ROS limitando o patógeno por gerar uma resposta de hipersensibilidade e morte celular. ROS também são utilizados como moléculas de transdução de sinal, tendo papel fundamental em fechamento estomático mediado por ABA. Isso corrobora com a teoria de que o balanço na criação e na degradação de espécies reativas de oxigênio é fundamental para atingir a tolerância a estresses (MILLER *et al.*, 2010). Nesse trabalho observa-se 3 genes de resposta a estresse osmótico reprimidos como *tioredoxina-like* 1-2 e *invertase CINV1-like*.

Os mecanismos de armazenamento de íon ferro também estavam regulados positivamente, conforme enriquecimento GO, mostrando que as vias de recepção e doação de elétrons estavam sobre carregadas e como mecanismo de defesa a planta acionou o armazenamento de ferro como ferritina a fim de evitar a degradação de lipídios, proteínas e nucleotídeos.

Outro principal componente envolvido em ambos os estresses são os fatores de transcrição. Fatores de transcrição das famílias MYC, MYB, NAC e WRKY estão ficando cada vez mais associados ao controle e sinalização de resposta a ambos os estresses abiótico e biótico (ANDERSON *et al.*, 2004; DUBOS *et al.*, 2010).

Conforme mostrado no enriquecimento GO, genes de ligante de quitina e genes de quitinase estavam regulados positivamente, corroborando com as respostas de combate ao fungo. E curiosamente, endochitinases é um dos genes presente em ambos os estresses isolados e no coestresse, mostrando sua ação não só em resistência contra fungos. Tal gene também foi descrito como regulado positivamente por MOTA, 2021. Isso mostra a importância do estudo de genes e quão plural pode ser a sua resposta na planta quando exposta a diversos estresses.

8 Conclusões e perspectivas

Em conclusão, essa investigação da dinâmica da expressão dos genes em *Musa* híbrida variedade Princesa durante reposta a *P. musae*, durante estresse hídrico e durante o coestresse fornece informações importantes a respeito dos genes e das vias envolvidas nas respostas de defesa/tolerância dessa variedade. Grupos destacados de DEGs *up* e *down-regulated* puderam ser observados dentre os DEGs derivados de estresses, com clara evidência de respostas distintas durante cada estresse.

Quanto às repostas ao déficit hídrico, existem evidências de respostas que envolvem vias ABA-independentes e vias ABA-dependentes, além de respostas a estresse salino e controle fotossintético. Genes envolvidos em mecanismos de ABA, etileno, ácido aspártico e em transportadores de Ca^{2+} foram observados.

Em relação às repostas imunes ao patógeno, existem evidências de respostas do hospedeiro que envolvem PTI, com vários candidatos de proteínas receptoras potencialmente envolvidas. Genes envolvidos em reações redox, potencialmente associados a resposta de hipersensibilidade também estavam aparentes, juntamente com fatores de transcrição e genes envolvidos na sinalização por fitormônios. Algumas evidências sobre o envolvimento de repostas ETI também foram observadas.

Já no coestresse é possível perceber uma resposta completamente diferente do esperado, com um aumento na expressão de genes, ativando mecanismos ABA dependentes e ABA independentes, apresentando a ativação de mecanismos envolvidos com ROS, além da presença de fatores de transcrição que estão diretamente ligados com coestresse.

Para melhor compreensão e comparação dos dados, a validação dos genes de interesse será realizada através de RT-qPCR, além da quantificação do fitormônio ABA nas folhas de bananeira.

Vários dos genes presentes nos bancos de dados gerados neste estudo servem como candidatos para futura investigação por meio de validação *in planta*. Análise de ganho de função por meio de transformação genética ou *knock-out* utilizando o sistema CRISPR-Cas9 (LOZANO-JUSTE *et al.*, 2014) irão, subsequentemente, possibilitar futuros avanços no melhoramento genético de banana para resistência ou tolerância a múltiplos estresse abióticos e bióticos.

9 Referências Bibliográficas

- Agarwal PK, Agarwal P, Reddy MK, Sopory SK. 2006.** Role of DREB transcription factors in abiotic and biotic stress tolerance in plants. *Plant Cell Reports* **25**: 1263–1274.
- Agarwal PK, Jha B. 2010.** Transcription factors in plants and ABA dependent and independent abiotic stress signalling. *Biologia plantarum* **54**: 201–212.
- Álvarez E. 2015.** Current Status of Moko Disease and Black Sigatoka in Latin America and the Caribbean, and Options for Managing Them. : 50.
- Anderson JP, Badruzaufari E, Schenk PM, et al. 2004.** Antagonistic Interaction between Abscisic Acid and Jasmonate-Ethylene Signaling Pathways Modulates Defense Gene Expression and Disease Resistance in Arabidopsis. *The Plant Cell* **16**: 3460–3479.
- Asselbergh B, De Vleeschauwer D, Höfte M. 2008.** Global Switches and Fine-Tuning—ABA Modulates Plant Pathogen Defense. *Molecular Plant-Microbe Interactions*® **21**: 709–719.
- van Asten PJA, Fermont AM, Taulya G. 2011.** Drought is a major yield loss factor for rainfed East African highland banana. *Agricultural Water Management* **98**: 541–552.
- Atkinson NJ, Urwin PE. 2012.** The interaction of plant biotic and abiotic stresses: from genes to the field. *Journal of Experimental Botany* **63**: 3523–3543.
- Bai T-T, Xie W-B, Zhou P-P, et al. 2013.** Transcriptome and Expression Profile Analysis of Highly Resistant and Susceptible Banana Roots Challenged with *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense Tropical Race 4 (Z Zhang, Ed.). *PLoS ONE* **8**: e73945.
- Bartels D, Sunkar R. 2005.** Drought and Salt Tolerance in Plants. *Critical Reviews in Plant Sciences* **24**: 23–58.
- Bentham AR, De la Concepcion JC, Mukhi N, et al. 2020.** A molecular roadmap to the plant immune system. *Journal of Biological Chemistry* **295**: 14916–14935.
- Bigeard J, Colcombet J, Hirt H. 2015.** Signaling Mechanisms in Pattern-Triggered Immunity (PTI). *Molecular Plant* **8**: 521–539.
- Bjornson M, Pimprikar P, Nürnberger T, Zipfel C. 2021.** The transcriptional landscape of Arabidopsis thaliana pattern-triggered immunity. *Nature Plants* **7**: 579–586.
- Bohnert HJ, Ayoubi P, Borchert C, et al. 2001.** A genomics approach towards salt stress tolerance. *Plant Physiology and Biochemistry* **39**: 295–311.
- Boller T, Felix G. 2009.** A Renaissance of Elicitors: Perception of Microbe-Associated Molecular Patterns and Danger Signals by Pattern-Recognition Receptors. *Annual Review of Plant Biology* **60**: 379–406.
- Borges AL, de Matos AP. 2006.** Banana: Instruções Práticas de Cultivo. : 29.

Borges AL, Souza LS. 2004. *O cultivo da bananeira*. Cruz das Almas: Embrapa Mandioca e Fruticultura.

Brito FSD, Fraaije B, Miller RNG. 2015. Sigatoka Disease Complex of Banana in Brazil: Management Practices and Future Directions. *Outlooks on Pest Management* **26**: 78–81.

Cao FY, Yoshioka K, Desveaux D. 2011. The roles of ABA in plant–pathogen interactions. *Journal of Plant Research* **124**: 489–499.

Carver TLW, Gurr SJ. 2006. Filamentous Fungi on Plant Surfaces In: Riederer M, Miller C, eds. *Biology of the Plant Cuticle*. Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd, 368–397.

Castañeda NEN, Alves GSC, Almeida RM, et al. 2017. Gene expression analysis in *Musa acuminata* during compatible interactions with *Meloidogyne incognita*. *Annals of Botany* **119**: 915–930.

Chang T-C, Salvucci A, Crous PW, Stergiopoulos I. 2016. Comparative Genomics of the Sigatoka Disease Complex on Banana Suggests a Link between Parallel Evolutionary Changes in *Pseudocercospora fijiensis* and *Pseudocercospora eumusae* and Increased Virulence on the Banana Host (JK Hane, Ed.). *PLOS Genetics* **12**: e1005904.

Chisholm ST, Coaker G, Day B, Staskawicz BJ. 2006. Host-Microbe Interactions: Shaping the Evolution of the Plant Immune Response. *Cell* **124**: 803–814.

Coll NS, Epple P, Dangl JL. 2011. Programmed cell death in the plant immune system. *Cell Death & Differentiation* **18**: 1247–1256.

Connolly EL, Guerinot ML. 2002. Iron stress in plants. *Genome Biology* **3**: 1024.1-1024.4.

Cordeiro ZJM, Rocha HS, de Araújo AG. 2011. Metodologias para Manuseio de *Mycosphaerella musicola* em Laboratório. *Embrapa Mandioca e Fruticultura*: 1–34.

Couto D, Zipfel C. 2016. Regulation of pattern recognition receptor signalling in plants. *Nature Reviews Immunology* **16**: 537–552.

Creelman RA, Mullet JE. 1995. Jasmonic acid distribution and action in plants: regulation during development and response to biotic and abiotic stress. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **92**: 4114–4119.

Cui H, Tsuda K, Parker JE. 2015. Effector-Triggered Immunity: From Pathogen Perception to Robust Defense. *Annual Review of Plant Biology* **66**: 487–511.

Dangl JL, Horvath DM, Staskawicz BJ. 2013. Pivoting the Plant Immune System from Dissection to Deployment. *Science* **341**: 746–751.

Denancé N, Sánchez-Vallet A, Goffner D, Molina A. 2013. Disease resistance or growth: the role of plant hormones in balancing immune responses and fitness costs. *Frontiers in Plant Science* **4**: 1–12.

DeYoung BJ, Innes RW. 2006. Plant NBS-LRR proteins in pathogen sensing and host defense. *Nature Immunology* **7**: 1243–1249.

D’Hont A, Denoeud F, Aury J-M, et al. 2012. The banana (*Musa acuminata*) genome and the evolution of monocotyledonous plants. *Nature* **488**: 213–217.

Dong X. 2001. Genetic dissection of systemic acquired resistance. *Current Opinion in Plant Biology* **4**: 309–314.

Droc G, Lariviere D, Guignon V, et al. 2013. *Banana Genome Hub*. <https://banana-genome-hub.southgreen.fr>.

Dubos C, Stracke R, Grotewold E, Weisshaar B, Martin C, Lepiniec L. 2010. MYB transcription factors in Arabidopsis. *Trends in Plant Science* **15**: 573–581.

FAOSTAT. 2021. *New food balances*. <https://www.fao.org/faostat/en/#data/FBS>.

Felix G, Duran JD, Volko S, Boller T. 1999. Plants have a sensitive perception system for the most conserved domain of bacterial flagellin: Plants perceive a conserved domain of bacterial flagellin. *The Plant Journal* **18**: 265–276.

Ferreira CF, Silva S de O e, Amorim EP, Santos-Serejo JA dos (Eds.). 2016. *O agronegócio da banana*. Brasília, DF: Embrapa.

Fowler S, Thomashow MF. 2002. Arabidopsis Transcriptome Profiling Indicates That Multiple Regulatory Pathways Are Activated during Cold Acclimation in Addition to the CBF Cold Response Pathway[W]. *The Plant Cell* **14**: 1675–1690.

Freitas AS, Pozza EA, Moreira SI, de Oliveira Soares MG, Silva HR, Alves E. 2017. Infection process of *Pseudocercospora musae* on banana leaf. *Phytoparasitica* **45**: 317–324.

Friesen TL. 2016. Combating the Sigatoka Disease Complex on Banana (JM McDowell, Ed.). *PLOS Genetics* **12**: e1006234.

Gao Q-M, Zhu S, Kachroo P, Kachroo A. 2015. Signal regulators of systemic acquired resistance. *Frontiers in Plant Science* **06**: 1–12.

Glazebrook J. 2005. Contrasting Mechanisms of Defense Against Biotrophic and Necrotrophic Pathogens. *Annual Review of Phytopathology* **43**: 205–227.

Gogoi R, Borah S. 2013. *Musa markkui* (Musaceae), a new species from Arunachal Pradesh, India. *Gardens’ Bulletin, Singapore* **65**: 19–26.

Guan R, Su J, Meng X, et al. 2015. Multilayered Regulation of Ethylene Induction Plays a Positive Role in Arabidopsis Resistance against *Pseudomonas syringae*. *Plant Physiology* **169**: 299–312.

Gururani MA, Venkatesh J, Upadhyaya CP, Nookaraju A, Pandey SK, Park SW. 2012. Plant disease resistance genes: Current status and future directions. *Physiological and Molecular Plant Pathology* **78**: 51–65.

Gust AA, Pruitt R, Nürnberger T. 2017. Sensing Danger: Key to Activating Plant Immunity. *Trends in Plant Science* **22**: 779–791.

Häkkinen M. 2013. Reappraisal of sectional taxonomy in *Musa* (*Musaceae*). *Taxon* **62**: 809–813.

Hatfield JL, Walthall CL. 2015. Meeting Global Food Needs: Realizing the Potential via Genetics × Environment × Management Interactions. *Agronomy Journal* **107**: 1215–1226.

Hirakuri MH. 2014. Impactos econômicos de estresses bióticos e abióticos na produção de soja. *Embrapa*: 1–8.

Jammes F, Song C, Shin D, et al. 2009. MAP kinases *MPK9* and *MPK12* are preferentially expressed in guard cells and positively regulate ROS-mediated ABA signaling. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **106**: 20520–20525.

Jaramillo J, Chabi-Olaye A, Kamonjo C, et al. 2009. Thermal Tolerance of the Coffee Berry Borer *Hypothenemus hampei*: Predictions of Climate Change Impact on a Tropical Insect Pest (S Rands, Ed.). *PLoS ONE* **4**: e6487.

Joe A, Sabu M. 2016. Wild Ornamental Bananas in India: An overview. *South Indian Journal of Biological Sciences* **2**: 213.

Jones JDG, Dangl JL. 2006. The plant immune system. *Nature* **444**: 323–329.

Kar RK. 2011. Plant responses to water stress: Role of reactive oxygen species. *Plant Signaling & Behavior* **6**: 1741–1745.

Kimura S, Waszczak C, Hunter K, Wrzaczek M. 2017. Bound by Fate: The Role of Reactive Oxygen Species in Receptor-Like Kinase Signaling. *The Plant Cell* **29**: 638–654.

Klemptner RL, Sherwood JS, Tugizimana F, Dubery IA, Piater LA. 2014. Ergosterol, an orphan fungal microbe-associated molecular pattern (MAMP): Ergosterol as a MAMP. *Molecular Plant Pathology* **15**: 747–761.

Lal NK, Nagalakshmi U, Hurlburt NK, et al. 2018. The Receptor-like Cytoplasmic Kinase BIK1 Localizes to the Nucleus and Regulates Defense Hormone Expression during Plant Innate Immunity. *Cell Host & Microbe* **23**: 485–497.

Lédo AS, Junior JFS, Silva SO, Lédo CAS. 2008. Banana Princesa: Variedade tipo Maçã resistente à Sigatoka-amarela e tolerante ao mal-do-Panamá In: *Embrapa Tabuleiros Costeiros Mandioca e Fruticultura Tropical*. 2000 exemplares.

Li X, Lu J, Liu S, Liu X, Lin Y, Li L. 2014. Identification of rapidly induced genes in the response of peanut (*Arachis hypogaea*) to water deficit and abscisic acid. *BMC Biotechnology* **14**: 58.

Li B, Meng X, Shan L, He P. 2016. Transcriptional Regulation of Pattern-Triggered Immunity in Plants. *Cell Host & Microbe* **19**: 641–650.

- Li C, Shao J, Wang Y, et al. 2013.** Analysis of banana transcriptome and global gene expression profiles in banana roots in response to infection by race 1 and tropical race 4 of *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense. *BMC Genomics* **14**: 851.
- Li W, Wang X, Li C, Sun J, Li S, Peng M. 2019.** Dual species transcript profiling during the interaction between banana (*Musa acuminata*) and the fungal pathogen *Fusarium oxysporum* f. sp. cubense. *BMC Genomics* **20**: 519.
- Li S, Wang Z, Wang F, et al. 2021.** A tubby-like protein CsTLP8 acts in the ABA signaling pathway and negatively regulates osmotic stresses tolerance during seed germination. *BMC Plant Biology* **21**: 340.
- Lo Presti L, Lanver D, Schweizer G, et al. 2015.** Fungal Effectors and Plant Susceptibility. *Annual Review of Plant Biology* **66**: 513–545.
- Luck J, Spackman M, Freeman A, et al. 2011.** Climate change and diseases of food crops: Diseases of food crops. *Plant Pathology* **60**: 113–121.
- Mahajan S, Tuteja N. 2005.** Cold, salinity and drought stresses: An overview. *Archives of Biochemistry and Biophysics* **444**: 139–158.
- Marchive C, Léon C, Kappel C, et al. 2013.** Over-Expression of VvWRKY1 in Grapevines Induces Expression of Jasmonic Acid Pathway-Related Genes and Confers Higher Tolerance to the Downy Mildew (F Börnke, Ed.). *PLoS ONE* **8**: e54185.
- Marín DH, Romero RA, Guzmán M, Sutton TB. 2003.** Black Sigatoka: An Increasing Threat to Banana Cultivation. *Plant Disease* **87**: 208–222.
- Marone D, Russo M, Laidò G, De Leonardis A, Mastrangelo A. 2013.** Plant Nucleotide Binding Site–Leucine-Rich Repeat (NBS-LRR) Genes: Active Guardians in Host Defense Responses. *International Journal of Molecular Sciences* **14**: 7302–7326.
- Meredith DS, Lawrence JS. 1969.** Black leaf streak disease of bananas (*Mycosphaerella fijiensis*): Symptoms of disease in Hawaii, and notes on the conidial state of the causal fungus. *Transactions of the British Mycological Society* **52**: 459–478.
- Meyers BC, Kaushik S, Nandety RS. 2005.** Evolving disease resistance genes. *Current Opinion in Plant Biology* **8**: 129–134.
- Miller RNG, Passos MAN, Emediato FL, de Camargo Teixeira C, Pappas Júnior GJ. 2011.** Candidate Resistance Gene Discovery: Resistance Gene Analog Characterisation and Differential Gene Expression Analysis in *Musa*/*Mycosphaerella* Host-Pathogen Interactions. *Acta Horticulturae*: 179–185.
- Monaghan J, Zipfel C. 2012.** Plant pattern recognition receptor complexes at the plasma membrane. *Current Opinion in Plant Biology* **15**: 349–357.
- Montarroyos AVV. 2005.** Análise da diversidade genética e patogênica de *Mycosphaerella fijiensis* e *Mycosphaerelle musicola* no Brasil.

Mota APZ, Brasileiro ACM, Vidigal B, et al. 2021. Defining the combined stress response in wild *Arachis*. *Scientific Reports* **11**: 1–12.

Mouliom-Pefoura A, Lassoudière A, Foko J, Fontem DA. 1996. Comparison of Development of *Mycosphaerella fijiensis* and *Mycosphaerella musicola* on Banana and Plantain in the Various Ecological Zones in Cameroon. *The American Phytopathological Society* **80**: 950–954.

Mourichon X, Carlier J, Fouré E. 1997. Sigatoka Leaf Spot Diseases. *International Network for the Improvement of Banana and Plantain*: 1–4.

MusaNet. 2016. Global Strategy for the Conservation and Use of *Musa* (Banana) Genetic Resources. *A consultative document prepared by the Global Musa Genetic Resources Network (MusaNet)*.

Muthusamy M, Uma S, Backiyarani S, Saraswathi MS, Chandrasekar A. 2016. Transcriptomic Changes of Drought-Tolerant and Sensitive Banana Cultivars Exposed to Drought Stress. *Frontiers in Plant Science* **7**: 1–14.

Ngou BPM, Ding P, Jones JDG. 2022. Thirty years of resistance: Zig-zag through the plant immune system. *The Plant Cell* **34**: 1447–1478.

Noar RD, Daub ME. 2016. Transcriptome sequencing of *Mycosphaerella fijiensis* during association with *Musa acuminata* reveals candidate pathogenicity genes. *BMC Genomics* **17**: 690.

Nomura H, Komori T, Uemura S, et al. 2012. Chloroplast-mediated activation of plant immune signalling in *Arabidopsis*. *Nature Communications* **3**: 1–10.

Nurnberger T, Brunner F, Kemmerling B, Piater L. 2004. Innate immunity in plants and animals: striking similarities and obvious differences. *Immunological Reviews* **198**: 249–266.

Pandey SP, Somssich IE. 2009. The Role of WRKY Transcription Factors in Plant Immunity. *Plant Physiology* **150**: 1648–1655.

Passos MAN, de Cruz VO, Emediato FL, et al. 2013. Analysis of the leaf transcriptome of *Musa acuminata* during interaction with *Mycosphaerella musicola*: gene assembly, annotation and marker development. *BMC Genomics* **14**: 78.

Perrier X, De Langhe E, Donohue M, et al. 2011. Multidisciplinary perspectives on banana (*Musa* spp.) domestication. *Proceedings of the National Academy of Sciences* **108**: 11311–11318.

Pestana RKN, Amorim EP, Ferreira CF, et al. 2011. Genetic dissimilarity of putative gamma-ray-induced ‘Preciosa - AAAB-Pome type’ banana (*Musa* sp) mutants based on multivariate statistical analysis. *Genetics and Molecular Research* **10**: 3976–3986.

Pieterse CMJ, Leon-Reyes A, Van der Ent S, Van Wees SCM. 2009. Networking by small-molecule hormones in plant immunity. *Nature Chemical Biology* **5**: 308–316.

Pinheiro TDM. 2020. Identificação e caracterização de componentes genéticos de resistência em *Musa acuminata* a *Pseudocercospora musae*.

Ravi I, Uma S, Vaganan MM, Mustaffa MM. 2013. Phenotyping bananas for drought resistance. *Frontiers in Physiology* **4**: 1–16.

Resende MLV, Barretti PB, de Medeiros FCL, et al. 2006. Percepção e transdução de sinais para a ativação de respostas de defesa em plantas contra patógenos. *Percepção e Transdução de Sinais* **14**: 129–198.

Reuter JA, Spacek DV, Snyder MP. 2015. High-Throughput Sequencing Technologies. *Molecular Cell* **58**: 586–597.

Roychoudhury A, Basu S. 2012. Ascorbate-Glutathione and Plant Tolerance to Various Abiotic Stresses In: *Oxidative stress in plants: Causes, Consequences and Tolerance*. IK International Publishing House Pvt. Ltd., 177–258.

Rushton PJ, Somssich IE, Ringler P, Shen QJ. 2010. WRKY transcription factors. *Trends in Plant Science* **15**: 247–258.

Sampangi-Ramaiah MH, Ravishankar KV, Seetharamaiah SK, et al. 2016. Barrier against water loss: relationship between epicuticular wax composition, gene expression and leaf water retention capacity in banana. *Functional Plant Biology* **43**: 492–501.

Sawyer D. 2008. Climate Change, Biofuels and Eco-Social Impacts in the Brazilian Amazon and Cerrado. *Philosophical Transactions: Biological Sciences* **363**: 1747–1752.

Seki M, Narusaka M, Ishida J, et al. 2002. Monitoring the expression profiles of 7000 *Arabidopsis* genes under drought, cold and high-salinity stresses using a full-length cDNA microarray: Expression profiling under abiotic stresses. *The Plant Journal* **31**: 279–292.

Sharma D, Verma N, Pandey C, et al. 2020. MAP Kinase as Regulators for Stress Responses in Plants: An Overview In: Pandey GK, ed. *Protein Kinases and Stress Signaling in Plants*. Wiley, 369–392.

Silva S de O e, Amorim EP, Santos-Serejo JA dos, Ferreira CF, Rodriguez MAD. 2013. Melhoramento genético da bananeira: estratégias e tecnologias disponíveis. *Revista Brasileira de Fruticultura* **35**: 919–931.

Simmonds NW. 1982. *Bananas*. New York: Longman London.

Simmonds NW, Shepherd K. 1955. The taxonomy and origins of the cultivated bananas. *Journal of the Linnean Society of London, Botany* **55**: 302–312.

Singh D, Laxmi A. 2015. Transcriptional regulation of drought response: a tortuous network of transcriptional factors. *Frontiers in Plant Science* **6**: 1–11.

South Green. 2013. About us. <https://www.southgreen.fr/content/about-us>. 31 Mar. 2022.

- Sparks E, Wachsman G, Benfey PN. 2013.** Spatiotemporal signalling in plant development. *Nature Reviews Genetics* **14**: 631–644.
- Spoel SH, Dong X. 2012.** How do plants achieve immunity? Defence without specialized immune cells. *Nature Reviews Immunology* **12**: 89–100.
- Stover RH. 1980.** Sigatoka Leaf Spots of Bananas and Plantains. *American Phytopathological Society* **64**: 750–756.
- Sun J, Zhang J, Fang H, et al. 2019.** Comparative transcriptome analysis reveals resistance-related genes and pathways in *Musa acuminata* banana “Guijiao 9” in response to Fusarium wilt. *Plant Physiology and Biochemistry* **141**: 83–94.
- Tang D, Wang G, Zhou J-M. 2017.** Receptor Kinases in Plant-Pathogen Interactions: More Than Pattern Recognition. *The Plant Cell* **29**: 618–637.
- Thor K, Jiang S, Michard E, et al. 2020.** The calcium-permeable channel OSCA1.3 regulates plant stomatal immunity. *Nature* **585**: 569–573.
- Tripathi L, Tripathi JN, Shah T, Muiruri KS, Katari M. 2019.** Molecular Basis of Disease Resistance in Banana Progenitor *Musa balbisiana* against *Xanthomonas campestris* pv. *musacearum*. *Scientific Reports* **9**: 1–17.
- Uma S, Backiyarani S, Saravanakumar AS, Chandrasekar A, Thangavelu R, Saraswathi MS. 2016.** Identification of *Mycosphaerella eumusae* responsive unique genes/transcripts from a resistant banana cultivar. *Acta Horticulturae*: 111–118.
- Vanhove A-C. 2012.** Screening the banana biodiversity for drought tolerance: can an in vitro growth model and proteomics be used as a tool to discover tolerant varieties and understand homeostasis. *Frontiers in Plant Science* **3**: 1–22.
- Verhage A, van Wees SCM, Pieterse CMJ. 2010.** Plant Immunity: It’s the Hormones Talking, But What Do They Say?: Figure 1. *Plant Physiology* **154**: 536–540.
- Verslues PE, Agarwal M, Katiyar-Agarwal S, Zhu J, Zhu J-K. 2006.** Methods and concepts in quantifying resistance to drought, salt and freezing, abiotic stresses that affect plant water status. *The Plant Journal* **45**: 523–539.
- Voigt CA. 2014.** Callose-mediated resistance to pathogenic intruders in plant defense-related papillae. *Frontiers in Plant Science* **5**: 1–7.
- Wang W, Vinocur B, Altman A. 2003.** Plant responses to drought, salinity and extreme temperatures: towards genetic engineering for stress tolerance. *Planta* **218**: 1–14.
- Wang Y, Xia Q, Wang G, et al. 2017.** Differential gene expression in banana roots in response to Fusarium wilt. *Canadian Journal of Plant Pathology* **39**: 163–175.
- Wang X, Yang X, Feng Y, et al. 2021.** Transcriptome Profile Reveals Drought-Induced Genes Preferentially Expressed in Response to Water Deficit in Cultivated Peanut (*Arachis hypogaea* L.). *Frontiers in Plant Science* **12**: 1–15.

- Willemse W, South Africa, National Department of Agriculture, Directorate Communication. 1998.** *Banana production*. Pretoria: National Department of Agriculture.
- Xu J, Li Y, Wang Y, et al. 2008.** Activation of MAPK Kinase 9 Induces Ethylene and Camalexin Biosynthesis and Enhances Sensitivity to Salt Stress in Arabidopsis. *Journal of Biological Chemistry* **283**: 26996–27006.
- Yanhui C, Xiaoyuan Y, Kun H, et al. 2006.** The MYB Transcription Factor Superfamily of Arabidopsis: Expression Analysis and Phylogenetic Comparison with the Rice MYB Family. *Plant Molecular Biology* **60**: 107–124.
- Yoo S-D, Cho Y-H, Tena G, Xiong Y, Sheen J. 2008.** Dual control of nuclear EIN3 by bifurcate MAPK cascades in C₂H₄ signalling. *Nature* **451**: 789–795.
- Yu X, Feng B, He P, Shan L. 2017.** From Chaos to Harmony: Responses and Signaling upon Microbial Pattern Recognition. *Annual Review of Phytopathology* **55**: 109–137.
- Zargar SM, Nagar P, Deshmukh R, et al. 2017.** Aquaporins as potential drought tolerance inducing proteins: Towards instigating stress tolerance. *Journal of Proteomics* **169**: 233–238.
- Zhang J, Nguyen HT, Blum A. 1999.** Genetic analysis of osmotic adjustment in crop plants. *Journal of Experimental Botany* **50**: 291–302.
- Zhang L, Zhou D, Hu H, et al. 2019.** Genome-wide characterization of a SRO gene family involved in response to biotic and abiotic stresses in banana (*Musa* spp.). *BMC Plant Biology* **19**: 1–14.
- Zipfel C. 2014.** Plant pattern-recognition receptors. *Trends in Immunology* **35**: 345–351.

Anexo

Tabela 10: DEGs *up-regulated* no tratamento de estresse hídrico.

Gen_ID	root_node_name	node_name	node_id	logFC	FDR	Product
Ma00_g01500	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,470888798	2,66E-05	photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic-like
Ma00_g01500	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,470888798	2,66E-05	photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic-like
Ma00_g01500	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,470888798	2,66E-05	photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic-like
Ma01_g07340	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,128444056	0,012266299	photosystem I reaction center subunit VI, chloroplastic-like
Ma01_g07340	cellular_component	photosystem I reaction center	GO:0009538	1,128444056	0,012266299	photosystem I reaction center subunit VI, chloroplastic-like
Ma01_g07340	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,128444056	0,012266299	photosystem I reaction center subunit VI, chloroplastic-like
Ma01_g07340	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,128444056	0,012266299	photosystem I reaction center subunit VI, chloroplastic-like
Ma01_g08390	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,456584603	5,85E-05	plastocyanin-like
Ma01_g19390	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	7,596859488	1,86E-14	putative glutaredoxin-C14
Ma01_g23400	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,569480757	3,80E-06	ferredoxin-like
Ma02_g05270	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,29994836	0,000348996	
Ma02_g05330	molecular_function	terpene synthase activity	GO:0010333	1,945762623	0,001391471	(3S,6E)-nerolidol synthase 1-like
Ma02_g11040	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,312959114	0,001611524	photosystem I reaction center subunit VI, chloroplastic, transcript variant X2
Ma02_g11040	cellular_component	photosystem I reaction center	GO:0009538	1,312959114	0,001611524	photosystem I reaction center subunit VI, chloroplastic, transcript variant X2
Ma02_g11040	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,312959114	0,001611524	photosystem I reaction center subunit VI, chloroplastic, transcript variant X2
Ma02_g11040	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,312959114	0,001611524	photosystem I reaction center subunit VI, chloroplastic, transcript variant X2
Ma02_g16460	cellular_component	membrane	GO:0016020	4,692313996	0,000859293	
Ma03_g03950	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,076001224	0,007880231	photosystem I reaction center subunit V, chloroplastic-like
Ma03_g03950	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,076001224	0,007880231	photosystem I reaction center subunit V, chloroplastic-like
Ma03_g03950	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,076001224	0,007880231	photosystem I reaction center subunit V, chloroplastic-like

Ma03_g07170	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	3,618593524	0,00021192	
Ma03_g07810	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,494439373	0,000130589	uncharacterized LOC103977615
Ma03_g07810	cellular_component	photosystem II	GO:0009523	1,494439373	0,000130589	uncharacterized LOC103977615
Ma03_g07810	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,494439373	0,000130589	uncharacterized LOC103977615
Ma03_g10250	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	2,669397819	0,020659104	
Ma03_g14340	cellular_component	membrane	GO:0016020	2,471304017	0,085007353	
Ma03_g19510	cellular_component	membrane	GO:0016020	3,581443744	0,000508847	bidirectional sugar transporter SWEET14-like
Ma03_g24730	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,889911498	0,001622153	tetrahydrocannabinolic acid synthase-like
Ma03_g24740	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	4,468468374	0,023665039	tetrahydrocannabinolic acid synthase-like
Ma03_g26250	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,025570746	0,016339014	magnesium-protoporphyrin IX monomethyl ester [oxidative] cyclase, chloroplastic-like
Ma03_g26650	cellular_component	membrane	GO:0016020	2,372433143	0,011289668	sulfate transporter 3.1-like
Ma03_g28020	molecular_function	chitin binding	GO:0008061	1,438514213	0,026909686	chitinase 1-like
Ma03_g28030	molecular_function	chitin binding	GO:0008061	2,277221675	0,007880231	chitinase 1-like
Ma04_g06400	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,549011426	0,043945393	high-affinity nitrate transporter 2.3-like
Ma04_g08270	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,277773569	0,02836353	inositol oxygenase 1-like
Ma04_g12460	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,031535734	0,006830973	
Ma04_g13620	molecular_function	serine-type endopeptidase inhibitor activity	GO:0004867	4,679679312	0,041258623	glu S.griseus protease inhibitor-like
Ma04_g17650	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,0784345	0,005179391	photosystem I reaction center subunit II, chloroplastic-like
Ma04_g17650	cellular_component	photosystem I reaction center	GO:0009538	1,0784345	0,005179391	photosystem I reaction center subunit II, chloroplastic-like
Ma04_g17650	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,0784345	0,005179391	photosystem I reaction center subunit II, chloroplastic-like
Ma04_g17650	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,0784345	0,005179391	photosystem I reaction center subunit II, chloroplastic-like
Ma04_g18850	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,441278428	0,022089118	glutamyl-tRNA reductase 2
Ma04_g19270	cellular_component	membrane	GO:0016020	2,15209643	0,023121607	ammonium transporter 2 member 1-like
Ma04_g19490	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,479506707	0,033462626	
Ma04_g20280	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,045483	0,004457779	delta(24)-sterol reductase-like, transcript variant X2
Ma04_g23390	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,236741426	0,002376008	naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase-like, transcript variant X1
Ma04_g27610	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,293992293	0,000328965	photosystem II reaction center W protein, chloroplastic-like

Ma04_g27610	cellular_component	photosystem II	GO:0009523	1,293992293	0,000328965	photosystem II reaction center W protein, chloroplastic-like
Ma04_g27610	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,293992293	0,000328965	photosystem II reaction center W protein, chloroplastic-like
Ma04_g29490	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	3,894579206	0,00260649	glutaredoxin-C9-like
Ma04_g30440	cellular_component	extrinsic component of membrane	GO:0019898	1,113116683	0,004389712	oxygen-evolving enhancer protein 3-1, chloroplastic-like
Ma04_g30440	cellular_component	photosystem II oxygen evolving complex	GO:0009654	1,113116683	0,004389712	oxygen-evolving enhancer protein 3-1, chloroplastic-like
Ma04_g30440	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,113116683	0,004389712	oxygen-evolving enhancer protein 3-1, chloroplastic-like
Ma04_g30440	cellular_component	photosystem II	GO:0009523	1,113116683	0,004389712	oxygen-evolving enhancer protein 3-1, chloroplastic-like
Ma04_g30440	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,113116683	0,004389712	oxygen-evolving enhancer protein 3-1, chloroplastic-like
Ma04_g31580	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,362012154	0,000328965	photosystem I reaction center subunit IV B, chloroplastic-like
Ma04_g31580	cellular_component	photosystem I reaction center	GO:0009538	1,362012154	0,000328965	photosystem I reaction center subunit IV B, chloroplastic-like
Ma04_g31580	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,362012154	0,000328965	photosystem I reaction center subunit IV B, chloroplastic-like
Ma04_g31580	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,362012154	0,000328965	photosystem I reaction center subunit IV B, chloroplastic-like
Ma05_g00190	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,338266047	5,89E-05	probable potassium transporter 11, transcript variant X1
Ma05_g03940	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,689375938	1,08E-08	photosystem I reaction center subunit V, chloroplastic-like
Ma05_g03940	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,689375938	1,08E-08	photosystem I reaction center subunit V, chloroplastic-like
Ma05_g03940	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,689375938	1,08E-08	photosystem I reaction center subunit V, chloroplastic-like
Ma05_g19810	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,159210426	0,052161634	photosystem II repair protein PSB27-H1, chloroplastic-like
Ma06_g07460	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,23318209	0,013761194	
Ma06_g07910	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,783601725	9,32E-09	uncharacterized LOC103987107
Ma06_g07910	cellular_component	photosystem II	GO:0009523	1,783601725	9,32E-09	uncharacterized LOC103987107
Ma06_g07910	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,783601725	9,32E-09	uncharacterized LOC103987107
Ma06_g08820	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,418577421	0,043560066	
Ma06_g11420	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,524704929	6,74E-06	uncharacterized LOC103987415
Ma06_g17760	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,324784033	0,0330231	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic-like
Ma06_g22340	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,362243608	0,00011113	photosystem I reaction center subunit XI, chloroplastic-like
Ma06_g22340	cellular_component	photosystem I reaction center	GO:0009538	1,362243608	0,00011113	photosystem I reaction center subunit XI, chloroplastic-like
Ma06_g22340	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,362243608	0,00011113	photosystem I reaction center subunit XI, chloroplastic-like
Ma06_g22340	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,362243608	0,00011113	photosystem I reaction center subunit XI, chloroplastic-like

Ma06_g26850	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,583342809	0,06987002	linoleate 9S-lipoxygenase 6-like
Ma06_g27570	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,090509366	0,004349398	photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic-like
Ma06_g27570	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,090509366	0,004349398	photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic-like
Ma06_g27570	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,090509366	0,004349398	photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic-like
Ma06_g27710	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	3,250545123	0,001742634	gibberellin 20 oxidase 2-like
Ma06_g30010	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,142507809	0,003281913	photosystem II core complex proteins psbY, chloroplastic-like
Ma06_g30010	cellular_component	photosystem II	GO:0009523	1,142507809	0,003281913	photosystem II core complex proteins psbY, chloroplastic-like
Ma06_g30010	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,142507809	0,003281913	photosystem II core complex proteins psbY, chloroplastic-like
Ma06_g30010	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,142507809	0,003281913	photosystem II core complex proteins psbY, chloroplastic-like
Ma06_g32450	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	2,171231503	0,000316465	cytochrome P450 78A5-like
Ma06_g32950	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,371463514	0,011741615	photosystem I reaction center subunit psaK, chloroplastic-like
Ma06_g32950	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,371463514	0,011741615	photosystem I reaction center subunit psaK, chloroplastic-like
Ma06_g32950	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,371463514	0,011741615	photosystem I reaction center subunit psaK, chloroplastic-like
Ma06_g32950	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,371463514	0,011741615	photosystem I reaction center subunit psaK, chloroplastic-like
Ma06_g33230	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,219857601	0,000381762	photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic-like
Ma06_g33230	cellular_component	photosystem I reaction center	GO:0009538	1,219857601	0,000381762	photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic-like
Ma06_g33230	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,219857601	0,000381762	photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic-like
Ma06_g33230	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,219857601	0,000381762	photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic-like
Ma06_g33230	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,219857601	0,000381762	photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic-like
Ma06_g36600	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,573359902	0,06655737	L-ascorbate oxidase homolog
Ma06_g38870	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,278669708	2,86E-05	hexose carrier protein HEX6, transcript variant X1
Ma07_g03540	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	3,363250166	0,022300129	polyphenol oxidase, chloroplastic-like
Ma07_g18610	molecular_function	terpene synthase activity	GO:0010333	1,810737804	0,054850822	beta-eudesmol synthase-like
Ma07_g18650	molecular_function	terpene synthase activity	GO:0010333	2,154376383	0,000450637	
Ma07_g20680	molecular_function	terpene synthase activity	GO:0010333	2,037977148	0,002188698	alpha-humulene synthase-like
Ma07_g20820	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,704555695	0,000957088	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase-like
Ma07_g23610	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,25412699	0,000318688	probable potassium transporter 9, transcript variant X2
Ma07_g28940	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,192255663	0,099690072	dicarboxylate transporter 1, chloroplastic-like

Ma08_g03570	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	4,526836905	0,001022635	gibberellin 2-beta-dioxygenase 8-like
Ma08_g03860	cellular_component	extrinsic component of membrane	GO:0019898	1,020479332	0,012609804	
Ma08_g03860	cellular_component	photosystem II oxygen evolving complex	GO:0009654	1,020479332	0,012609804	
Ma08_g03860	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,020479332	0,012609804	
Ma08_g03860	cellular_component	photosystem II	GO:0009523	1,020479332	0,012609804	
Ma08_g03860	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,020479332	0,012609804	
Ma08_g03860	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,020479332	0,012609804	
Ma08_g12690	cellular_component	membrane	GO:0016020	2,690632315	0,023054987	
Ma08_g15080	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	3,696781596	3,39E-07	gibberellin 20 oxidase 1-D
Ma08_g19930	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,314034961	0,012925621	primary amine oxidase-like
Ma08_g21500	molecular_function	serine-type endopeptidase inhibitor activity	GO:0004867	1,344327827	0,079697612	Bowman-Birk type proteinase inhibitor DE-4-like
Ma08_g29270	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,122404163	0,002079548	photosystem II core complex proteins psbY, chloroplastic-like
Ma08_g29270	cellular_component	photosystem II	GO:0009523	1,122404163	0,002079548	photosystem II core complex proteins psbY, chloroplastic-like
Ma08_g29270	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,122404163	0,002079548	photosystem II core complex proteins psbY, chloroplastic-like
Ma08_g29270	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,122404163	0,002079548	photosystem II core complex proteins psbY, chloroplastic-like
Ma09_g06330	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,34205896	0,012731502	phospho-N-acetylmuramoyl-pentapeptide-transferase homolog
Ma09_g09670	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,018125758	0,009817909	photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic-like
Ma09_g09670	cellular_component	photosystem I reaction center	GO:0009538	1,018125758	0,009817909	photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic-like
Ma09_g09670	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,018125758	0,009817909	photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic-like
Ma09_g09670	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,018125758	0,009817909	photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic-like
Ma09_g09670	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,018125758	0,009817909	photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic-like
Ma09_g09900	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,563242236	3,02E-06	photosystem I reaction center subunit psaK, chloroplastic-like
Ma09_g09900	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,563242236	3,02E-06	photosystem I reaction center subunit psaK, chloroplastic-like
Ma09_g09900	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,563242236	3,02E-06	photosystem I reaction center subunit psaK, chloroplastic-like
Ma09_g09900	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,563242236	3,02E-06	photosystem I reaction center subunit psaK, chloroplastic-like
Ma09_g14720	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,770753063	4,35E-06	ferredoxin--nitrite reductase, chloroplastic
Ma09_g14900	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	4,444365264	9,15E-13	

Ma09_g19250	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,343394985	0,000167442	photosystem I reaction center subunit IV, chloroplastic-like
Ma09_g19250	cellular_component	photosystem I reaction center	GO:0009538	1,343394985	0,000167442	photosystem I reaction center subunit IV, chloroplastic-like
Ma09_g19250	cellular_component	photosystem I	GO:0009522	1,343394985	0,000167442	photosystem I reaction center subunit IV, chloroplastic-like
Ma09_g19250	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,343394985	0,000167442	photosystem I reaction center subunit IV, chloroplastic-like
Ma09_g19250	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	1,343394985	0,000167442	photosystem I reaction center subunit IV, chloroplastic-like
Ma09_g26690	cellular_component	extrinsic component of membrane	GO:0019898	3,076720841	4,43E-23	oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic-like
Ma09_g26690	cellular_component	photosystem II oxygen evolving complex	GO:0009654	3,076720841	4,43E-23	oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic-like
Ma09_g26690	cellular_component	membrane	GO:0016020	3,076720841	4,43E-23	oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic-like
Ma09_g26690	cellular_component	photosystem II	GO:0009523	3,076720841	4,43E-23	oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic-like
Ma09_g26690	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	3,076720841	4,43E-23	oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic-like
Ma09_g26690	biological_process	photosynthesis	GO:0015979	3,076720841	4,43E-23	oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic-like
Ma10_g12550	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,345267979	0,005888326	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic
Ma11_g00020	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,101914955	0,004185007	uncharacterized LOC103970026, transcript variant X1
Ma11_g02140	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,400397328	0,000303544	
Ma11_g02430	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,926883556	0,010304526	protein NRT1/ PTR FAMILY 5.2-like
Ma11_g02800	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,689065164	0,066844688	beta-carotene 3-hydroxylase 2, chloroplastic
Ma11_g04180	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	3,263475443	3,72E-06	S-norcochlorine synthase 1-like
Ma11_g15990	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	2,038930809	0,046805133	cytochrome P450 84A1-like
Ma11_g16100	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	2,252406884	0,002539447	flavin-containing monooxygenase FMO GS-OX-like 4
Ma11_g18130	cellular_component	membrane	GO:0016020	1,109554522	0,005371351	MATE efflux family protein 2, chloroplastic
Ma11_g23950	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,328007809	9,82E-05	
Ma11_g24880	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	1,301039931	0,002375331	premnaspirodiene oxygenase-like

Tabela 11: DEGs *down-regulated* no tratamento de estresse hídrico.

Gen_ID	root_node_name	node_name	node_id	logFC	FDR	Product
Ma00_g00260	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,30342	0,003447	
Ma01_g20480	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,35956	0,011742	sulfate transporter 3.1-like

Ma02_g06130	cellular_component	membrane	GO:0016020	-3,30715	0,002389	probable inorganic phosphate transporter 1-8
Ma02_g06250	cellular_component	membrane	GO:0016020	-3,4131	2,34E-14	
Ma02_g08730	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,56906	0,000877	ABC transporter G family member 23
Ma02_g17920	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,02217	0,00345	sulfate transporter 4.1, chloroplastic-like
Ma02_g21700	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,05951	0,0072	plasma membrane-associated cation-binding protein 1-like
Ma03_g01690	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,97372	5,74E-08	
Ma03_g09480	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,11122	0,001693	uncharacterized LOC103977776, transcript variant X2
Ma03_g15840	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,63172	0,01289	sulfate transporter 3.1-like
Ma03_g20730	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,92997	0,075884	heparanase-like protein 3
Ma03_g31000	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,18477	0,064047	MATE efflux family protein 1-like, transcript variant X2
Ma04_g02980	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,59492	0,08548	
Ma04_g06950	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,25321	0,059772	MATE efflux family protein 1-like
Ma04_g09070	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,75947	0,052517	bidirectional sugar transporter SWEET4-like
Ma04_g16580	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,71467	0,008326	ABC transporter G family member 10
Ma04_g18120	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,98226	1,72E-05	protein NRT1/ PTR FAMILY 2.13-like, transcript variant X2
Ma04_g19720	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,28083	0,035845	protein NRT1/ PTR FAMILY 7.3-like, transcript variant X1
Ma04_g24420	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,29278	5,57E-12	ABC transporter G family member 22-like, transcript variant X1
Ma04_g29060	cellular_component	membrane	GO:0016020	-3,09659	1,64E-05	magnesium transporter MRS2-I-like
Ma04_g36790	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,1574	0,074181	probable inorganic phosphate transporter 1-8, transcript variant X1
Ma05_g11040	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,35527	0,008711	
Ma05_g30820	cellular_component	membrane	GO:0016020	-4,62273	9,10E-09	ABC transporter G family member 6-like
Ma06_g02320	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,59814	0,001145	equilibrative nucleotide transporter 3-like, transcript variant X1
Ma06_g06060	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,40597	0,085084	
Ma06_g10270	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,41454	0,033597	adenine/guanine permease AZG1-like
Ma06_g34970	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,65193	0,000151	ABC transporter G family member 6-like
Ma07_g12190	cellular_component	membrane	GO:0016020	-3,14016	1,21E-10	probable potassium transporter 17, transcript variant X1
Ma07_g16130	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,54887	0,0223	
Ma07_g19120	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,91883	0,000297	heparanase-like protein 3

Ma07_g22370	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,36877	4,44E-05	pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump-like
Ma07_g27620	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,79627	0,000982	nucleobase-ascorbate transporter LPE1-like
Ma08_g01620	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,19523	0,071588	probable potassium transporter 9, transcript variant X1
Ma08_g01960	cellular_component	membrane	GO:0016020	-3,16857	1,44E-07	
Ma08_g03700	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,38686	0,064658	sugar carrier protein C-like
Ma08_g05160	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,46677	5,14E-05	cellulose synthase-like protein G3
Ma08_g05180	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,59992	1,64E-07	cellulose synthase-like protein G3
Ma08_g06740	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,95057	0,002482	zinc transporter 3-like
Ma08_g20660	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,03602	9,62E-05	cation/calcium exchanger 1-like
Ma08_g26440	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,48753	0,006343	tonoplast dicarboxylate transporter
Ma08_g31370	cellular_component	membrane	GO:0016020	-3,44605	7,07E-09	
Ma09_g02780	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,68719	0,009349	sugar carrier protein C-like
Ma09_g05270	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,03733	0,033023	
Ma09_g07210	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,16898	0,069145	uncharacterized LOC103997178
Ma09_g09060	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,36988	0,000983	cyclic nucleotide-gated ion channel 2-like
Ma09_g20080	cellular_component	membrane	GO:0016020	-3,17251	1,03E-05	heptahelical transmembrane protein ADIPOR1-like
Ma10_g08300	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,23351	0,017524	uncharacterized LOC104000492
Ma10_g23550	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,9845	0,002044	probable beta-1,3-galactosyltransferase 18
Ma10_g23690	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,65496	0,038228	
Ma10_g24650	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,84635	0,085444	ABC transporter G family member 11-like
Ma11_g04090	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,29473	0,01149	putative glycerol-3-phosphate transporter 1
Ma11_g10440	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,45607	0,00091	

Tabela 12: DEGs *up-regulated* no tratamento infectado por *P. musae*.

Gen_ID	root_node_name	node_name	node_id	logFC	FDR	Product
Ma00_g04650	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,480416	4,78E-06	SNF1-related protein kinase regulatory subunit beta-1-like
Ma01_g01500	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,059148	0,006251	topless-related protein 1-like
Ma01_g01830	molecular_function	protein binding	GO:0005515	2,194514	0,014843	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase PXL2

Ma01_g09480	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,171126	0,003949	protein IQ-DOMAIN 14-like
Ma02_g05100	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,07568	0,047815	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1-like
Ma02_g07180	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,0343	0,005636	pre-mRNA-processing-splicing factor 8-like
Ma02_g07950	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,190756	0,069414	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine/tyrosine-protein kinase SOBIR1
Ma02_g11710	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,079058	0,005077	lysine-specific histone demethylase 1 homolog 3%2C transcript variant X2
Ma02_g24830	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,367931	0,052575	tubby-like F-box protein 5
Ma03_g03640	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,344733	1,03E-06	DNA-damage-repair/toleration protein DRT100-like
Ma03_g08280	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,160213	0,000392	phytochrome B
Ma03_g10830	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,196091	0,082935	probable inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At1g66830
Ma03_g11900	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,234997	0,001659	methyl-CpG-binding domain-containing protein 9
Ma03_g12630	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,06781	0,071134	uncharacterized LOC103978135
Ma03_g24480	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,051338	0,00714	BEACH domain-containing protein lvsC
Ma03_g26430	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,270057	3,64E-07	protein NLP3-like
Ma03_g26600	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,370244	0,000402	BEACH domain-containing protein lvsA-like%2C transcript variant X1
Ma03_g28450	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,098231	0,013534	putative kinase-like protein TMKL1
Ma03_g29000	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,244122	0,085924	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase GSO1
Ma03_g29790	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,290305	0,05544	receptor-like protein 12
Ma03_g29840	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,055227	0,055436	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase GSO1
Ma03_g29970	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,193254	0,042543	uncharacterized LOC103980107
Ma03_g31980	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,105228	0,002743	serine/threonine-protein kinase SMG1-like%2C transcript variant X1
Ma03_g32570	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,087946	0,012068	receptor-like protein kinase HSL1
Ma04_g00170	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,430756	0,01082	U-box domain-containing protein 16-like
Ma04_g01290	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,262354	0,001668	
Ma04_g05060	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,194947	0,018893	U-box domain-containing protein 15-like
Ma04_g14120	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,349307	0,000164	U-box domain-containing protein 4-like
Ma04_g17770	molecular_function	protein binding	GO:0005515	2,085503	9,43E-05	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase

						At1g35710
Ma04_g17910	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,859015	0,002509	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850
Ma04_g17920	molecular_function	protein binding	GO:0005515	2,490582	0,000459	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At1g35710
Ma04_g20600	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,361128	0,049519	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850
Ma04_g22770	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,731183	0,014843	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At1g35710
Ma04_g22780	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,084026	0,078645	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase FLS2
Ma05_g08350	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,156305	0,000612	uncharacterized LOC103984277%2C transcript variant X1
Ma05_g24110	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,087752	0,005481	transformation/transcription domain-associated protein-like
Ma05_g27150	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,452945	9,27E-05	F-box/kelch-repeat protein At1g80440-like
Ma05_g32050	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,55961	0,014092	root phototropism protein 2%2C transcript variant X2
Ma06_g02630	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,209848	0,017326	putative transcription factor bHLH041%2C transcript variant X2
Ma06_g04130	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,139877	0,003126	uncharacterized LOC103986774%2C transcript variant X2
Ma06_g08230	molecular_function	protein binding	GO:0005515	2,657284	0,000772	probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At3g28040
Ma06_g10060	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,101685	0,000386	F-box protein At2g32560-like
Ma06_g10690	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,192385	0,003384	serine/threonine-protein kinase ATM
Ma06_g10790	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,044901	0,024175	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase GSO2
Ma06_g10800	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,429345	0,000969	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase GSO2
Ma06_g10810	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,749736	0,000388	leucine-rich repeat receptor protein kinase EXS-like
Ma06_g10820	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,097986	0,019457	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase GSO2
Ma06_g10830	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,560036	0,011707	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase GSO2
Ma06_g11360	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,15116	7,91E-06	uncharacterized LOC103987411
Ma06_g18200	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,198063	0,064808	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g74360
Ma06_g25760	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,312186	0,02583	uncharacterized protein PFB0145c-like%2C transcript variant X5
Ma06_g27180	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,253615	0,001052	uncharacterized LOC103989064%2C transcript variant X1
Ma06_g28720	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,071184	0,091308	receptor-like protein kinase HSL1

Ma06_g29510	molecular_function	protein binding	GO:0005515	2,44764	0,006698	probable receptor protein kinase TMK1
Ma06_g37840	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,261292	0,054141	systemin receptor SR160-like%2C transcript variant X1
Ma07_g12530	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,023306	0,008482	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At2g28990
Ma07_g13140	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,539169	0,00013	F-box/kelch-repeat protein At1g80440-like
Ma07_g19540	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,082765	0,020704	LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase GSO1%2C transcript variant X2
Ma07_g25810	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,061695	0,001715	uncharacterized LOC103992724
Ma08_g04400	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,390013	0,008999	BEACH domain-containing protein lvsA-like
Ma08_g07720	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,260258	1,25E-05	SKP1-interacting partner 15-like%2C transcript variant X3
Ma08_g14610	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,024108	0,01334	transcription factor BEE 3-like
Ma08_g28240	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,457285	0,098466	receptor-like protein kinase HSL1
Ma08_g28250	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,617603	0,037088	receptor-like protein kinase HSL1
Ma08_g33170	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,331487	1,31E-07	SKP1-interacting partner 15-like
Ma09_g07030	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,786806	0,021542	probable receptor protein kinase TMK1%2C transcript variant X2
Ma09_g07760	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,305966	3,46E-05	F-box/kelch-repeat protein At2g44130-like
Ma09_g09490	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,171458	0,037301	receptor-like protein kinase HAIKU2
Ma09_g22650	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,049427	0,051017	probable leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At1g35710
Ma09_g22680	molecular_function	protein binding	GO:0005515	2,764177	0,002755	receptor-like protein 12
Ma09_g28720	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,200511	0,007356	transcription factor BIM2
Ma10_g00470	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,251225	0,070419	
Ma10_g09050	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,320174	0,0412	caffeic acid 3-O-methyltransferase-like
Ma10_g09410	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,369856	0,000472	receptor-like protein kinase HAIKU2
Ma10_g21310	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,337505	0,020826	uncharacterized LOC103968854%2C transcript variant X2
Ma10_g22110	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,117915	0,005684	putative E3 ubiquitin-protein ligase LIN
Ma10_g27590	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,620324	2,97E-05	receptor-like protein kinase HSL1
Ma11_g03820	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,023388	0,006133	uncharacterized LOC103970353
Ma11_g09550	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,16369	0,073788	uncharacterized LOC103971187
Ma11_g11830	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,044606	0,002402	uncharacterized LOC103971361

Ma11_g15160	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,192929	0,048209	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1-like
Ma11_g17100	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,038121	0,005997	probable histone-lysine N-methyltransferase ATXR3
Ma11_g19070	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,242496	0,001302	
Ma11_g19700	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,284689	1,63E-05	CLIP-associated protein-like%2C transcript variant X1
Ma11_g21710	molecular_function	protein binding	GO:0005515	1,571685	2,29E-08	transcription factor MYC3-like
Ma01_g01830	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	2,194514	0,014843	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase PXL2
Ma01_g05530	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,176478	5,34E-05	mitogen-activated protein kinase 10-like
Ma01_g13210	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,224605	0,02142	putative wall-associated receptor kinase-like 16
Ma01_g15580	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	2,463948	0,012608	probable receptor protein kinase TMK1%2C transcript variant X1
Ma01_g18140	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,750025	0,030014	lysM domain receptor-like kinase 3
Ma02_g01210	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,43443	0,001495	lysM domain receptor-like kinase 4%2C transcript variant X1
Ma02_g05100	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,07568	0,047815	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1-like
Ma02_g07950	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,190756	0,069414	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine/tyrosine-protein kinase SOBIR1
Ma02_g12710	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,447059	0,008878	wall-associated receptor kinase 3-like
Ma02_g12770	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,541161	0,051311	wall-associated receptor kinase 2-like
Ma03_g08280	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,160213	0,000392	phytochrome B
Ma03_g10830	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,196091	0,082935	probable inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At1g66830
Ma03_g28450	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,098231	0,013534	putative kinase-like protein TMKL1
Ma03_g31980	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,105228	0,002743	serine/threonine-protein kinase SMG1-like%2C transcript variant X1
Ma03_g32570	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,087946	0,012068	receptor-like protein kinase HSL1
Ma04_g02500	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,713416	0,033048	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At2g28960
Ma04_g02550	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,760945	0,024268	G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase At5g24080
Ma04_g17910	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,859015	0,002509	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850
Ma04_g18790	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,613152	0,071485	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850

Ma04_g20600	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,361128	0,049519	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850
Ma04_g40130	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,003523	0,000441	receptor-like serine/threonine-protein kinase SD1-8
Ma05_g09590	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,834338	0,012885	probable receptor-like protein kinase At5g20050
Ma05_g10020	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,111901	0,002515	lysM domain receptor-like kinase 4
Ma05_g14910	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,574475	0,053848	probable serine/threonine-protein kinase At1g18390
Ma06_g08230	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	2,657284	0,000772	probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At3g28040
Ma06_g16680	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,311037	0,016843	wall-associated receptor kinase-like 20
Ma06_g18200	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,198063	0,064808	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g74360
Ma06_g28720	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,071184	0,091308	receptor-like protein kinase HSL1
Ma06_g29510	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	2,44764	0,006698	probable receptor protein kinase TMK1
Ma06_g29910	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,366166	4,78E-06	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine/tyrosine-protein kinase SOBIR1
Ma06_g29920	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,056921	0,024682	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine/tyrosine-protein kinase SOBIR1
Ma06_g37690	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,147351	6,86E-05	receptor-like serine/threonine-protein kinase ALE2%2C transcript variant X3
Ma06_g37840	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,261292	0,054141	systemin receptor SR160-like%2C transcript variant X1
Ma07_g10160	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,895358	0,00014	phototropin-1A-like%2C transcript variant X1
Ma07_g22190	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	2,415299	0,026096	probable L-type lectin-domain containing receptor kinase S.5
Ma07_g22940	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	2,116202	0,006133	wall-associated receptor kinase 5-like
Ma07_g22960	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,230891	0,050282	wall-associated receptor kinase 5-like
Ma08_g11990	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,253717	0,000909	probable receptor-like protein kinase At5g24010
Ma08_g18850	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,417277	0,008863	mitogen-activated protein kinase kinase 9-like
Ma08_g25830	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,972511	0,065776	uncharacterized LOC103996521
Ma08_g28240	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,457285	0,098466	receptor-like protein kinase HSL1
Ma08_g28250	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,617603	0,037088	receptor-like protein kinase HSL1
Ma09_g02840	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,354204	0,019483	receptor-like protein kinase THESEUS 1%2C transcript variant X2
Ma09_g07030	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,786806	0,021542	probable receptor protein kinase TMK1%2C transcript variant X2

Ma09_g09490	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,171458	0,037301	receptor-like protein kinase HAIKU2
Ma09_g11540	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,188718	0,008247	uncharacterized LOC103997793
Ma09_g18370	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,235644	0,026781	wall-associated receptor kinase 2-like
Ma10_g09410	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,369856	0,000472	receptor-like protein kinase HAIKU2
Ma10_g19730	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,465233	0,085968	probable serine/threonine-protein kinase At1g18390
Ma10_g20160	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,258421	0,013661	probable receptor-like protein kinase At1g67000
Ma10_g27590	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,620324	2,97E-05	receptor-like protein kinase HSL1
Ma11_g15160	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,192929	0,048209	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1-like
Ma11_g22880	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,040023	0,018299	receptor-like protein kinase HERK 1%2C transcript variant X2
Ma11_g24720	molecular_function	protein kinase activity	GO:0004672	1,049766	0,0004	probable receptor-like protein kinase At1g11050
Ma00_g05050	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	2,23929	0,043252	probable L-type lectin-domain containing receptor kinase S.5
Ma01_g01830	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	2,194514	0,014843	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase PXL2
Ma01_g05530	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,176478	5,34E-05	mitogen-activated protein kinase 10-like
Ma01_g13210	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,224605	0,02142	putative wall-associated receptor kinase-like 16
Ma01_g15580	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	2,463948	0,012608	probable receptor protein kinase TMK1%2C transcript variant X1
Ma01_g18140	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,750025	0,030014	lysM domain receptor-like kinase 3
Ma02_g01210	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,43443	0,001495	lysM domain receptor-like kinase 4%2C transcript variant X1
Ma02_g05100	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,07568	0,047815	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1-like
Ma02_g07950	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,190756	0,069414	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine/tyrosine-protein kinase SOBIR1
Ma02_g12710	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,447059	0,008878	wall-associated receptor kinase 3-like
Ma02_g12770	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,541161	0,051311	wall-associated receptor kinase 2-like
Ma03_g10830	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,196091	0,082935	probable inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At1g66830
Ma03_g28450	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,098231	0,013534	putative kinase-like protein TMKL1
Ma03_g32570	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,087946	0,012068	receptor-like protein kinase HSL1
Ma04_g02500	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,713416	0,033048	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At2g28960
Ma04_g02550	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,760945	0,024268	G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase

						At5g24080
Ma04_g17910	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,859015	0,002509	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850
Ma04_g18790	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,613152	0,071485	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850
Ma04_g20600	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,361128	0,049519	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850
Ma04_g40130	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,003523	0,000441	receptor-like serine/threonine-protein kinase SD1-8
Ma05_g09590	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,834338	0,012885	probable receptor-like protein kinase At5g20050
Ma05_g10020	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,111901	0,002515	lysM domain receptor-like kinase 4
Ma05_g14910	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,574475	0,053848	probable serine/threonine-protein kinase At1g18390
Ma06_g08230	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	2,657284	0,000772	probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At3g28040
Ma06_g16680	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,311037	0,016843	wall-associated receptor kinase-like 20
Ma06_g18200	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,198063	0,064808	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g74360
Ma06_g28720	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,071184	0,091308	receptor-like protein kinase HSL1
Ma06_g29510	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	2,44764	0,006698	probable receptor protein kinase TMK1
Ma06_g29910	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,366166	4,78E-06	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine/tyrosine-protein kinase SOBIR1
Ma06_g29920	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,056921	0,024682	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine/tyrosine-protein kinase SOBIR1
Ma06_g37690	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,147351	6,86E-05	receptor-like serine/threonine-protein kinase ALE2%2C transcript variant X3
Ma06_g37840	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,261292	0,054141	systemin receptor SR160-like%2C transcript variant X1
Ma07_g10160	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,895358	0,00014	phototropin-1A-like%2C transcript variant X1
Ma07_g22190	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	2,415299	0,026096	probable L-type lectin-domain containing receptor kinase S.5
Ma07_g22940	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	2,116202	0,006133	wall-associated receptor kinase 5-like
Ma07_g22960	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,230891	0,050282	wall-associated receptor kinase 5-like
Ma08_g11990	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,253717	0,000909	probable receptor-like protein kinase At5g24010
Ma08_g18850	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,417277	0,008863	mitogen-activated protein kinase kinase 9-like
Ma08_g25830	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,972511	0,065776	uncharacterized LOC103996521
Ma08_g28240	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,457285	0,098466	receptor-like protein kinase HSL1

Ma08_g28250	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,617603	0,037088	receptor-like protein kinase HSL1
Ma09_g02840	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,354204	0,019483	receptor-like protein kinase THESEUS 1%2C transcript variant X2
Ma09_g07030	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,786806	0,021542	probable receptor protein kinase TMK1%2C transcript variant X2
Ma09_g09490	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,171458	0,037301	receptor-like protein kinase HAIKU2
Ma09_g11540	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,188718	0,008247	uncharacterized LOC103997793
Ma09_g18370	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,235644	0,026781	wall-associated receptor kinase 2-like
Ma10_g09410	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,369856	0,000472	receptor-like protein kinase HAIKU2
Ma10_g19730	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,465233	0,085968	probable serine/threonine-protein kinase At1g18390
Ma10_g20160	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,258421	0,013661	probable receptor-like protein kinase At1g67000
Ma10_g27590	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,620324	2,97E-05	receptor-like protein kinase HSL1
Ma11_g15160	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,192929	0,048209	BRASSINOSTEROID INSENSITIVE 1-associated receptor kinase 1-like
Ma11_g22880	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,040023	0,018299	receptor-like protein kinase HERK 1%2C transcript variant X2
Ma11_g24720	biological_process	protein phosphorylation	GO:0006468	1,049766	0,0004	probable receptor-like protein kinase At1g11050
Ma00_g03160	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,293767	0,041217	
Ma01_g01830	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	2,194514	0,014843	leucine-rich repeat receptor-like protein kinase PXL2
Ma01_g05530	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,176478	5,34E-05	mitogen-activated protein kinase 10-like
Ma01_g15580	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	2,463948	0,012608	probable receptor protein kinase TMK1%2C transcript variant X1
Ma01_g18140	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,750025	0,030014	lysM domain receptor-like kinase 3
Ma02_g01210	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,43443	0,001495	lysM domain receptor-like kinase 4%2C transcript variant X1
Ma02_g03830	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,412	2,22E-05	pyruvate%2C phosphate dikinase%2C chloroplastic-like
Ma02_g07950	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,190756	0,069414	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine/tyrosine-protein kinase SOBIR1
Ma02_g12710	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,447059	0,008878	wall-associated receptor kinase 3-like
Ma02_g12770	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,541161	0,051311	wall-associated receptor kinase 2-like
Ma03_g05600	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,14007	0,04637	
Ma03_g30900	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,051426	0,008999	U5 small nuclear ribonucleoprotein 200 kDa helicase-like%2C transcript variant X2
Ma03_g32570	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,087946	0,012068	receptor-like protein kinase HSL1

Ma04_g02500	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,713416	0,033048	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At2g28960
Ma04_g02550	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,760945	0,024268	G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase At5g24080
Ma04_g17560	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,197257	3,75E-05	ABC transporter B family member 2-like
Ma04_g17910	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,859015	0,002509	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850
Ma04_g18790	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,613152	0,071485	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850
Ma04_g20500	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,184818	2,38E-05	midasin
Ma04_g26710	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,03227	0,084616	
Ma05_g09590	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,834338	0,012885	probable receptor-like protein kinase At5g20050
Ma05_g10020	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,111901	0,002515	lysM domain receptor-like kinase 4
Ma05_g14910	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,574475	0,053848	probable serine/threonine-protein kinase At1g18390
Ma05_g27720	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,45062	4,93E-06	ABC transporter C family member 3-like
Ma06_g04130	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,139877	0,003126	uncharacterized LOC103986774%2C transcript variant X2
Ma06_g08230	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	2,657284	0,000772	probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At3g28040
Ma06_g16680	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,311037	0,016843	wall-associated receptor kinase-like 20
Ma06_g18200	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,198063	0,064808	probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g74360
Ma06_g28720	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,071184	0,091308	receptor-like protein kinase HSL1
Ma06_g29510	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	2,44764	0,006698	probable receptor protein kinase TMK1
Ma06_g29910	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,366166	4,78E-06	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine/tyrosine-protein kinase SOBIR1
Ma06_g29920	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,056921	0,024682	leucine-rich repeat receptor-like serine/threonine/tyrosine-protein kinase SOBIR1
Ma06_g31270	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,194598	0,000782	uncharacterized LOC103989414%2C transcript variant X3
Ma06_g37840	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,261292	0,054141	systemin receptor SR160-like%2C transcript variant X1
Ma07_g10160	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,895358	0,00014	phototropin-1A-like%2C transcript variant X1
Ma07_g22190	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	2,415299	0,026096	probable L-type lectin-domain containing receptor kinase S.5
Ma07_g22960	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,230891	0,050282	wall-associated receptor kinase 5-like
Ma08_g04830	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,612279	0,001563	growth-regulating factor 6-like%2C transcript variant X2

Ma08_g18850	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,417277	0,008863	mitogen-activated protein kinase kinase 9-like
Ma08_g28240	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,457285	0,098466	receptor-like protein kinase HSL1
Ma08_g28250	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,617603	0,037088	receptor-like protein kinase HSL1
Ma09_g07030	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,786806	0,021542	probable receptor protein kinase TMK1%2C transcript variant X2
Ma09_g09490	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,171458	0,037301	receptor-like protein kinase HAIKU2
Ma10_g09410	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,369856	0,000472	receptor-like protein kinase HAIKU2
Ma10_g19730	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,465233	0,085968	probable serine/threonine-protein kinase At1g18390
Ma10_g20160	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,258421	0,013661	probable receptor-like protein kinase At1g67000
Ma10_g27590	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,620324	2,97E-05	receptor-like protein kinase HSL1
Ma11_g05410	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,004524	0,000653	uncharacterized LOC103970483%2C transcript variant X1
Ma11_g22640	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,382338	0,077697	ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase 2%2C chloroplastic
Ma11_g24720	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,049766	0,0004	probable receptor-like protein kinase At1g11050
Ma11_g25060	molecular_function	ATP binding	GO:0005524	1,527072	0,003815	putative ABC transporter C family member 15
Ma01_g13210	molecular_function	polysaccharide binding	GO:0030247	1,224605	0,02142	putative wall-associated receptor kinase-like 16
Ma02_g12710	molecular_function	polysaccharide binding	GO:0030247	1,447059	0,008878	wall-associated receptor kinase 3-like
Ma02_g12770	molecular_function	polysaccharide binding	GO:0030247	1,541161	0,051311	wall-associated receptor kinase 2-like
Ma02_g12790	molecular_function	polysaccharide binding	GO:0030247	1,692223	0,058041	
Ma06_g16680	molecular_function	polysaccharide binding	GO:0030247	1,311037	0,016843	wall-associated receptor kinase-like 20
Ma07_g22940	molecular_function	polysaccharide binding	GO:0030247	2,116202	0,006133	wall-associated receptor kinase 5-like
Ma07_g22960	molecular_function	polysaccharide binding	GO:0030247	1,230891	0,050282	wall-associated receptor kinase 5-like
Ma09_g18370	molecular_function	polysaccharide binding	GO:0030247	1,235644	0,026781	wall-associated receptor kinase 2-like
Ma10_g20160	molecular_function	polysaccharide binding	GO:0030247	1,258421	0,013661	probable receptor-like protein kinase At1g67000
Ma03_g04770	molecular_function	ubiquitin-protein transferase activity	GO:0004842	1,626771	1,27E-05	
Ma03_g07500	molecular_function	ubiquitin-protein transferase activity	GO:0004842	1,946261	1,49E-09	alpha%2Calpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 6-like
Ma04_g00170	molecular_function	ubiquitin-protein transferase activity	GO:0004842	1,430756	0,01082	U-box domain-containing protein 16-like
Ma04_g05060	molecular_function	ubiquitin-protein transferase activity	GO:0004842	1,194947	0,018893	U-box domain-containing protein 15-like

Ma04_g06280	molecular_function	ubiquitin-protein transferase activity	GO:0004842	1,061448	0,008719	E3 ubiquitin-protein ligase UPL1-like%2C transcript variant X1
Ma06_g13820	molecular_function	ubiquitin-protein transferase activity	GO:0004842	1,131687	0,007501	E3 ubiquitin-protein ligase UPL1-like%2C transcript variant X1
Ma07_g16080	molecular_function	ubiquitin-protein transferase activity	GO:0004842	2,488015	1,83E-11	probable alpha%2Calpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 9
Ma09_g05470	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	1,091	0,00022	probable alpha%2Calpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 7%2C transcript variant X1
Ma09_g15280	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	1,377811	3,60E-06	alpha%2Calpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 6-like
Ma09_g30580	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	1,314475	5,34E-05	U-box domain-containing protein 8-like
Ma10_g17060	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	1,060799	0,014635	E3 ubiquitin-protein ligase UPL1-like%2C transcript variant X1
Ma10_g22110	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	1,117915	0,005684	putative E3 ubiquitin-protein ligase LIN
Ma10_g23670	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	2,041485	0,004399	probable alpha%2Calpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 9
Ma03_g02070	biological_process	fatty acid biosynthetic process	GO:0006633	1,434845	5,37E-06	
Ma04_g08880	biological_process	fatty acid biosynthetic process	GO:0006633	1,017637	0,017901	
Ma04_g22350	biological_process	fatty acid biosynthetic process	GO:0006633	1,341193	0,050739	
Ma04_g24510	biological_process	fatty acid biosynthetic process	GO:0006633	1,072833	0,019946	
Ma10_g18030	biological_process	fatty acid biosynthetic process	GO:0006633	1,348691	0,003105	
Ma03_g31980	molecular_function	protein serine/threonine kinase activity	GO:0004674	1,105228	0,002743	serine/threonine-protein kinase SMG1-like%2C transcript variant X1
Ma04_g40130	molecular_function	protein serine/threonine kinase activity	GO:0004674	1,003523	0,000441	receptor-like serine/threonine-protein kinase SD1-8
Ma07_g22960	molecular_function	protein serine/threonine kinase activity	GO:0004674	1,230891	0,050282	wall-associated receptor kinase 5-like
Ma07_g20300	molecular_function	alpha-amylase activity	GO:0004556	2,200193	0,011065	
Ma08_g04100	molecular_function	alpha-amylase activity	GO:0004556	1,042709	0,000481	alpha-amylase 3%2C chloroplastic
Ma02_g11180	biological_process	cysteine biosynthetic process from serine	GO:0006535	1,077938	6,70E-05	probable serine acetyltransferase 1
Ma03_g16620	biological_process	cysteine biosynthetic process	GO:0006535	1,03117	0,00038	probable serine acetyltransferase 1

		from serine				
Ma02_g11180	molecular_function	serine O-acetyltransferase activity	GO:0009001	1,077938	6,70E-05	probable serine acetyltransferase 1
Ma03_g16620	molecular_function	serine O-acetyltransferase activity	GO:0009001	1,03117	0,00038	probable serine acetyltransferase 1
Ma03_g08280	biological_process	detection of visible light	GO:0006535	1,160213	0,000392	phytochrome B
Ma04_g39460	biological_process	detection of visible light	GO:0006535	1,249362	0,072122	
Ma03_g08280	biological_process	protein-chromophore linkage	GO:0009584	1,160213	0,000392	phytochrome B
Ma04_g39460	biological_process	protein-chromophore linkage	GO:0009584	1,249362	0,072122	
Ma06_g18100	molecular_function	thiamine pyrophosphate binding	GO:0030976	1,367011	1,41E-05	
Ma10_g11980	molecular_function	thiamine pyrophosphate binding	GO:0030976	1,748495	1,42E-05	
Ma06_g10860	molecular_function	calcium-dependent cysteine-type endopeptidase activity	GO:0004198	1,079958	0,00184	calpain-type cysteine protease ADL1
Ma06_g10860	molecular_function	U5 snRNA binding	GO:0030623	1,0343	0,005636	pre-mRNA-processing-splicing factor 8-like
Ma06_g10860	molecular_function	U6 snRNA binding	GO:0017070	1,0343	0,005636	pre-mRNA-processing-splicing factor 8-like

Tabela 13: DEGs *down-regulated* no tratamento infectado por *P. musae*.

Gen_ID	root_node_name	node_name	node_id	logFC	FDR	Product
Ma01_g14830	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,64841	0,009012	homeobox-leucine zipper protein HOX13-like, transcript variant X2
Ma03_g03440	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,79825	0,006242	AP2-like ethylene-responsive transcription factor At1g79700
Ma03_g32510	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,18962	0,045443	probable WRKY transcription factor 28
Ma04_g07970	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,99187	0,012596	probable WRKY transcription factor 71
Ma04_g24800	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,39054	0,016444	probable WRKY transcription factor 43, transcript variant X1
Ma05_g04880	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-2,34754	0,000392	
Ma05_g05820	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,56884	0,001261	transcription factor HY5-like

Ma05_g09420	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-2,21772	0,028201	probable WRKY transcription factor 61, transcript variant X3
Ma06_g19400	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-2,02186	0,000457	
Ma06_g22520	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,56906	0,008315	probable WRKY transcription factor 43
Ma06_g28830	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,41117	0,008162	probable WRKY transcription factor 71
Ma07_g05490	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,1123	0,052874	
Ma07_g26170	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,61737	0,086656	probable WRKY transcription factor 43, transcript variant X1
Ma08_g07830	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,1736	0,065776	
Ma08_g11720	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-3,00384	0,001372	dehydration-responsive element-binding protein 1G
Ma08_g23210	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-1,09398	0,039058	
Ma11_g03090	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-2,48727	0,017813	
Ma11_g19990	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	-3,97853	0,000137	
Ma01_g02070	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,68636	0,085361	
Ma01_g03660	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,09005	0,05143	copper transporter 6-like
Ma02_g06130	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,81128	0,04702	probable inorganic phosphate transporter 1-8
Ma04_g06610	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,49201	0,019644	vacuolar cation/proton exchanger 1a-like, transcript variant X1
Ma05_g00150	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,26752	0,007838	magnesium/proton exchanger, transcript variant X1
Ma05_g01350	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-2,19804	0,025815	MLO-like protein 1
Ma06_g02320	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,01268	0,042689	equilibrative nucleotide transporter 3-like, transcript variant X1
Ma07_g16260	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,1093	0,025853	

Ma08_g03170	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,34182	0,008339	vesicle-associated membrane protein 721-like, transcript variant X2
Ma08_g04880	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,13427	0,011642	squalene epoxidase 3-like
Ma08_g04910	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,70867	0,009211	squalene monooxygenase-like
Ma10_g23690	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,44835	4,63E-05	
Ma11_g02110	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,45164	1,25E-05	putative transporter arsB, transcript variant X1
Ma11_g03030	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,1019	0,075081	SPX domain-containing membrane protein OsI_17046-like
Ma11_g16170	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,4055	1,48E-07	
Ma05_g31820	biological_process	cellular iron ion homeostasis	GO:0006879	-2,15844	2,09E-15	ferritin-1, chloroplastic-like
Ma11_g22110	biological_process	cellular iron ion homeostasis	GO:0006879	-1,28229	3,58E-05	ferritin-1, chloroplastic-like
Ma05_g31820	molecular_function	ferric iron binding	GO:0008199	-2,15844	2,09E-15	ferritin-1, chloroplastic-like
Ma11_g22110	molecular_function	ferric iron binding	GO:0008199	-1,28229	3,58E-05	ferritin-1, chloroplastic-like
Ma04_g21990	molecular_function	alpha-amylase activity	GO:0004556	-1,08277	0,04791	probable alpha-amylase 2, transcript variant X3
Ma04_g22020	molecular_function	alpha-amylase activity	GO:0004556	-1,04675	0,006736	probable alpha-amylase 2, transcript variant X2
Ma08_g04880	molecular_function	squalene monooxygenase activity	GO:0004506	-1,13427	0,011642	squalene epoxidase 3-like
Ma08_g04910	molecular_function	squalene monooxygenase activity	GO:0004506	-1,70867	0,009211	squalene monooxygenase-like

Tabela 14: DEGs *up-regulated* no tratamento exposto ao coestresse.

Gen_ID	root_node_name	node_name	node_id	logFC	FDR	Product
Ma00_g00100	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	1,529225	0,049692	
Ma02_g18510	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	1,505402	0,070299	GATA transcription factor 21-like
Ma03_g06920	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	3,175854	0,022853	
Ma04_g24790	molecular_function	DNA-binding transcription	GO:0003700	2,429695	0,010309	WRKY transcription factor 22, transcript variant X1

		factor activity				
Ma04_g35590	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	1,806271	0,017436	heat stress transcription factor B-2b-like
Ma05_g09690	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	2,530971	0,035667	AP2/ERF and B3 domain-containing transcription repressor RAV2-like
Ma05_g29500	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	3,856186	0,028163	ocs element-binding factor 1-like
Ma06_g03170	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	1,645265	0,009322	
Ma06_g07970	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	1,665747	0,08349	probable WRKY transcription factor 75
Ma06_g09740	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	2,644595	0,017198	ethylene-responsive transcription factor ERF114-like
Ma06_g21970	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	2,479705	0,065852	probable WRKY transcription factor 43
Ma06_g24790	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	1,275625	0,05623	ethylene-responsive transcription factor RAP2-1-like
Ma07_g09530	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	2,377746	0,020317	probable WRKY transcription factor 50, transcript variant X1
Ma07_g09560	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	3,857516	0,002941	homeobox-leucine zipper protein HAT5-like, transcript variant X1
Ma08_g01650	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	2,312454	0,080328	probable WRKY transcription factor 26
Ma08_g28680	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	3,319837	0,065484	MADS-box protein CMB1-like
Ma09_g01370	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	1,909921	0,022251	probable WRKY transcription factor 43
Ma09_g18630	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	1,670931	0,085378	transcription factor HBP-1b(c38)-like, transcript variant X3
Ma10_g12340	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	5,492899	0,008234	ethylene-responsive transcription factor ERF113-like
Ma10_g15390	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	2,612325	0,093542	probable WRKY transcription factor 31
Ma10_g27340	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	1,636072	0,084417	homeobox-leucine zipper protein HAT5-like, transcript variant X1
Ma11_g09750	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	3,043581	0,037909	

Ma11_g20400	molecular_function	DNA-binding transcription factor activity	GO:0003700	2,595818	0,005038	
Ma02_g18510	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	1,505402	0,070299	GATA transcription factor 21-like
Ma03_g06920	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	3,175854	0,022853	
Ma04_g24790	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	2,429695	0,010309	WRKY transcription factor 22, transcript variant X1
Ma04_g35590	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	1,806271	0,017436	heat stress transcription factor B-2b-like
Ma06_g07970	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	1,665747	0,08349	probable WRKY transcription factor 75
Ma06_g21970	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	2,479705	0,065852	probable WRKY transcription factor 43
Ma07_g09530	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	2,377746	0,020317	probable WRKY transcription factor 50, transcript variant X1
Ma07_g09560	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	3,857516	0,002941	homeobox-leucine zipper protein HAT5-like, transcript variant X1
Ma08_g01650	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	2,312454	0,080328	probable WRKY transcription factor 26
Ma09_g01370	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	1,909921	0,022251	probable WRKY transcription factor 43
Ma09_g18630	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	1,670931	0,085378	transcription factor HBP-1b(c38)-like, transcript variant X3
Ma10_g15390	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	2,612325	0,093542	probable WRKY transcription factor 31
Ma10_g27340	molecular_function	sequence-specific DNA binding	GO:0043565	1,636072	0,084417	homeobox-leucine zipper protein HAT5-like, transcript variant X1
Ma03_g04770	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	3,081386	0,006921	
Ma03_g06080	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	2,529948	0,039002	
Ma03_g07500	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	1,756846	0,009506	alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 6-like
Ma04_g30680	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	1,702263	0,057455	
Ma07_g16080	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	1,967703	0,025815	probable alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 9
Ma10_g23670	biological_process	trehalose biosynthetic process	GO:0005992	3,869736	0,009322	probable alpha,alpha-trehalose-phosphate synthase [UDP-forming] 9

Ma03_g25050	molecular_function	pyridoxal phosphate binding	GO:0030170	2,212086	0,087633	
Ma05_g08240	molecular_function	pyridoxal phosphate binding	GO:0030170	2,233808	0,083655	alanine--glyoxylate aminotransferase 2 homolog 3, mitochondrial-like
Ma08_g11540	molecular_function	pyridoxal phosphate binding	GO:0030170	1,345213	0,07454	methionine gamma-lyase-like
Ma08_g31180	molecular_function	pyridoxal phosphate binding	GO:0030170	5,225206	0,006638	glutamate decarboxylase 4-like
Ma09_g30620	molecular_function	pyridoxal phosphate binding	GO:0030170	5,313406	0,006311	aromatic-L-amino-acid decarboxylase-like
Ma07_g03540	molecular_function	catechol oxidase activity	GO:0004097	7,907563	0,00287	polyphenol oxidase, chloroplastic-like
Ma08_g34740	molecular_function	catechol oxidase activity	GO:0004097	1,776438	0,095018	polyphenol oxidase, chloroplastic-like
Ma10_g20510	molecular_function	catechol oxidase activity	GO:0004097	1,938932	0,045137	polyphenol oxidase I, chloroplastic-like
Ma03_g28020	biological_process	cell wall macromolecule catabolic process	GO:0016998	2,508938	0,027477	chitinase 1-like
Ma03_g28030	biological_process	cell wall macromolecule catabolic process	GO:0016998	5,950898	0,002614	chitinase 1-like
Ma05_g17850	biological_process	cell wall macromolecule catabolic process	GO:0016998	4,833038	0,017356	chitinase 6-like
Ma03_g28020	molecular_function	chitin binding	GO:0008061	2,508938	0,027477	chitinase 1-like
Ma03_g28030	molecular_function	chitin binding	GO:0008061	5,950898	0,002614	chitinase 1-like
Ma05_g17850	molecular_function	chitin binding	GO:0008061	4,833038	0,017356	chitinase 6-like
Ma03_g28020	biological_process	chitin catabolic process	GO:0006032	2,508938	0,027477	chitinase 1-like
Ma03_g28030	biological_process	chitin catabolic process	GO:0006032	5,950898	0,002614	chitinase 1-like
Ma05_g17850	biological_process	chitin catabolic process	GO:0006032	4,833038	0,017356	chitinase 6-like
Ma03_g28020	molecular_function	chitinase activity	GO:0004568	2,508938	0,027477	chitinase 1-like
Ma03_g28030	molecular_function	chitinase activity	GO:0004568	5,950898	0,002614	chitinase 1-like
Ma05_g17850	molecular_function	chitinase activity	GO:0004568	4,833038	0,017356	chitinase 6-like
Ma04_g31130	cellular_component	extracellular matrix	GO:0031012	2,840392	0,010428	metalloendoproteinase 1
Ma04_g35450	cellular_component	extracellular matrix	GO:0031012	1,580584	0,055545	metalloendoproteinase 1-like
Ma07_g21400	cellular_component	extracellular matrix	GO:0031012	4,31529	0,016201	metalloendoproteinase 1
Ma04_g13620	molecular_function	serine-type endopeptidase inhibitor activity	GO:0004867	4,983062	0,093501	glu S,griseus protease inhibitor-like
Ma05_g09330	molecular_function	serine-type endopeptidase inhibitor activity	GO:0004867	2,146457	0,012331	Bowman-Birk type proteinase inhibitor-like
Ma08_g21500	molecular_function	serine-type endopeptidase	GO:0004867	3,574604	8,25E-05	Bowman-Birk type proteinase inhibitor DE-4-like

		inhibitor activity				
Ma06_g01180	biological_process	cellular iron ion homeostasis	GO:0006879	1,881143	0,039062	ferritin-3, chloroplastic-like
Ma11_g22110	biological_process	cellular iron ion homeostasis	GO:0006879	2,987647	0,044575	ferritin-1, chloroplastic-like
Ma04_g09820	biological_process	coenzyme A metabolic process	GO:0015936	3,95077	0,053963	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme A reductase 3-like
Ma07_g22130	biological_process	coenzyme A metabolic process	GO:0015936	3,05997	0,051345	3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme A reductase 3-like
Ma06_g01180	molecular_function	ferric iron binding	GO:0008199	1,881143	0,039062	ferritin-3, chloroplastic-like
Ma11_g22110	molecular_function	ferric iron binding	GO:0008199	2,987647	0,044575	ferritin-1, chloroplastic-like
Ma07_g02300	biological_process	guanosine tetraphosphate metabolic process	GO:0015969	2,821325	0,052777	probable GTP diphosphokinase RSH2, chloroplastic
Ma07_g11200	biological_process	guanosine tetraphosphate metabolic process	GO:0015969	2,896165	0,055785	probable GTP diphosphokinase RSH2, chloroplastic

Tabela 15: DEGs *down-regulated* no tratamento exposto ao coestresse.

Gen_ID	root_node_name	node_name	node_id	logFC	FDR	Product
Ma01_g13020	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-2,85471	0,024641	primary amine oxidase-like
Ma02_g04650	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-2,67826	0,012331	naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase-like
Ma04_g19490	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-1,46136	0,041318	
Ma05_g01120	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-1,82776	0,023293	ferredoxin, leaf L-A-like
Ma05_g03850	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-2,97454	0,017436	leucoanthocyanidin dioxygenase-like
Ma05_g04020	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-2,46211	0,045219	cytochrome P450 724B1-like
Ma06_g34050	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-2,46068	0,000916	cytochrome P450 714B2-like
Ma08_g03900	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-2,0717	0,012808	cytokinin dehydrogenase 3-like
Ma08_g04910	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-2,74686	0,009322	squalene monooxygenase-like
Ma09_g04370	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-2,65209	0,055766	codeine O-demethylase-like
Ma11_g01390	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-1,80346	0,007858	glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B, chloroplastic-like
Ma11_g02650	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-2,3411	0,067757	naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase-like
Ma11_g09710	molecular_function	oxidoreductase activity	GO:0016491	-2,34246	0,010821	ferric reduction oxidase 7, chloroplastic-like
Ma01_g14000	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,61265	0,049692	phosphate transporter PHO1 homolog 1

Ma01_g16150	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,90156	0,004495	polyol transporter 5-like
Ma04_g06610	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,60454	0,055785	vacuolar cation/proton exchanger 1a-like, transcript variant X1
Ma05_g00150	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,70058	0,068422	magnesium/proton exchanger, transcript variant X1
Ma06_g25970	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,27766	0,055785	
Ma07_g16940	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,67228	0,044519	
Ma08_g04910	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,74686	0,009322	squalene monooxygenase-like
Ma08_g12940	cellular_component	membrane	GO:0016020	-4,57769	0,001841	
Ma09_g16720	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,71315	0,089036	
Ma09_g30510	cellular_component	membrane	GO:0016020	-2,84924	5,22E-05	cyclic nucleotide-gated ion channel 4-like
Ma10_g02600	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,95964	0,043102	
Ma10_g23690	cellular_component	membrane	GO:0016020	-1,46016	0,090658	
Ma01_g14000	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,61265	0,049692	phosphate transporter PHO1 homolog 1
Ma01_g16150	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,90156	0,004495	polyol transporter 5-like
Ma04_g06610	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,60454	0,055785	vacuolar cation/proton exchanger 1a-like, transcript variant X1
Ma05_g00150	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,70058	0,068422	magnesium/proton exchanger, transcript variant X1
Ma06_g25970	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,27766	0,055785	
Ma07_g16940	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,67228	0,044519	
Ma08_g04910	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-2,74686	0,009322	squalene monooxygenase-like
Ma08_g12940	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-4,57769	0,001841	
Ma09_g16720	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-2,71315	0,089036	
Ma10_g23690	cellular_component	integral component of membrane	GO:0016021	-1,46016	0,090658	

