



UNIVERSIDADE FEDERAL DE PERNAMBUCO - UFPE
CENTRO DE BIOCÊNCIAS
PROGRAMA DE PÓS-GRADUAÇÃO EM CIÊNCIAS BIOLÓGICAS – PPGCB

FRANCIELLY NEGREIROS DE ARAÚJO

**TRANSCRIPTÔMICA DE GENES CODIFICADORES DE QUINASES EM RAIZ DE
PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.) SOB ESTÍMULO SALINO**

Recife 2023

FRANCIELLY NEGREIROS DE ARAÚJO

**TRANSCRIPTÔMICA DE GENES CODIFICADORES DE QUINASES EM RAIZ DE
PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.) SOB ESTÍMULO SALINO**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação
em Ciências Biológicas da Universidade Federal de
Pernambuco, como requisito parcial para a obtenção
do título de doutor em Ciências Biológicas.

Área de concentração: Biotecnologia

Orientador: Prof.º Dr. Éderson Akio Kido

Recife 2023

Catálogo de Publicação na Fonte. UFPE - Biblioteca Central

Araújo, Francielly Negreiros de.

Transcriptômica de genes codificadores de quinases em raiz de
pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.) sob estímulo salino /

Francielly Negreiros de Araújo. - Recife, 2023.

185f.: il.

Tese (Doutorado) - Universidade Federal de Pernambuco, Centro
de Biociências, Pós-graduação em Ciências Biológicas, 2023.

Orientação: Éderson Akio Kido.

Inclui referências e apêndices.

1. Pinhão-Manso; 2. Transcriptômica; 3. Estresse Abiótico. I.
Kido, Éderson Akio. II. Título.

UFPE-Biblioteca Central

FRANCIELLY NEGREIROS DE ARAÚJO

**TRANSCRIPTÔMICA DE GENES CODIFICADORES DE QUINASES EM RAIZ DE
PINHÃO-MANSO (*Jatropha curcas* L.) SOB ESTÍMULO SALINO**

Tese apresentada ao Programa de Pós-Graduação
em Ciências Biológicas da Universidade Federal de
Pernambuco, como requisito parcial para a obtenção
do título de doutor em Ciências Biológicas.

Aprovada em: 06/11/2023

BANCA EXAMINADORA

Prof.º Dr. Éderson Akio Kido (Orientador)

Universidade Federal de Pernambuco

Prof.º Dr. Valdir de Queiroz Balbino (Examinador Interno)

Universidade Federal de Pernambuco

Prof.º Dr. Ricardo Yara (Examinador Interno)

Universidade Federal de Pernambuco

Prof.º Dr. João Pacífico Bezerra Neto (Examinador Externo)

Universidade de Pernambuco

Prof.º Dra. Roberta Lane de Oliveira Silva (Examinadora Externa)

Universidade Federal do Vale do São Francisco

DEDICATÓRIA

In memoriam

Dedico este trabalho a minha amada mãe
Josefa Negreiros, pelo incentivo, amor e
apoio incondicional.

AGRADECIMENTOS

A Deus, pela presença constante em meus dias, guiando cada passo e fortalecendo minha fé em meio às adversidades.

À minha mãe Josefa Negreiros (*in memoriam*), que foi minha maior incentivadora. A ela devo tudo o que sou, minha educação foi cultivada a base de muito esforço e trabalho árduo.

Ao Professor Dr. Ederson Akio Kido pela orientação, oportunidade de aprendizado e, especialmente, por todo apoio prestado nos momentos difíceis.

Aos membros da banca examinadora Dr. Valdir de Queiroz Balbino, Dr. Ricardo Yara, Dr. João Pacífico Bezerra Neto, Dra. Roberta Lane de Oliveira Silva, e aos suplentes Dra. Ana Christina Brasileiro Vidal e Dr. Wilson José da Silva, pela disposição em contribuir para o enriquecimento deste trabalho.

Às Professoras Dra. Mônica Waleria e Dra. Neide Santos pela supervisão durante os estágios, a experiência incrível que vivenciei foi responsável por resgatar meu amor pela docência.

Aos professores que compõe o corpo docente e a coordenação do Programa de Pós-graduação em Ciências Biológicas, especialmente a Professora Dra. Márcia Vanusa e ao Professor Dr. Thiago Napoleão pelo aprendizado e dedicação ao longo desses anos, todos contribuíram significativamente para minha formação acadêmica e pessoal.

À Universidade Federal de Pernambuco, pela oportunidade de realização do curso.

À Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) pela concessão da bolsa de estudos.

Aos meus amigos da UFPB, Laisa Vilar, Aleson Pereira, Larissa Rodrigues, Vanessa de Melo, Giulian César e Nathália Galvão, por toda parceria e incentivo a pesquisa. Vocês me ensinaram que a amizade pode nos impulsionar a ir cada vez mais longe.

Aos meus queridos amigos do LGMP, Marislane, Fernanda, Valquiria, Gisele, Vanessa e Juliana, pela excelente convivência e parceria ao longo desses anos. Em especial a Rahisa, Jorge, Elvia, Bruna, Vinícius, Manassés e José Ribamar Neto que contribuíram diretamente com meu aprendizado e foram um apoio essencial para a conclusão deste trabalho. Sem vocês, essa jornada não teria tantos momentos felizes e memoráveis.

A todo o grupo de pesquisa do LGBV, por todo aprendizado e apoio prestado. Em especial a técnica Vanessa e às minhas inestimáveis amigas, Thamara Medeiros e Fernanda Sousa.

A Seu Romildo, por todo seu trabalho, dedicação e solicitude. E a todas as pessoas que direta ou indiretamente contribuíram para minha formação acadêmica e pessoal.

RESUMO

Jatropha curcas é uma espécie que apresenta multipla aplicabilidade, com ênfase no seu potencial para redução de danos ambientais, com aplicação na indústria de biocombustível e no setor ambiental, visando a fitorremediação, prevenção e controle de erosão do solo. Os trabalhos aqui apresentados tiveram como objetivo, analisar os transcriptomas de acessos contrastantes de *J. curcas* em resposta ao estímulo salino, visando a mineração de quinases com potencial para aplicação no melhoramento genético da cultura. O estudo sobre o quinoma de *J. curcas*, teve como foco analisar a diversidade, classificação, estrutura genética, elementos *cis*-reguladores (ECRs) e fatores de transcrição (FTs). Também prospectamos domínios conservados, atributos físico-químicos e localização subcelular das proteínas quinase (PK). A pesquisa inclui uma análise de RNA-Seq de JcPKs de dois acessos expostos a NaCl (150mM/3h). O quinoma de *J. curcas* compreende 1.350 PKs codificadas por 872 genes únicos (aproximadamente 3% dos genes codificadores de proteínas da espécie). A análise fenética revelou 20 grupos distintos e 121 famílias/subfamílias. As famílias PK exibem diversidade estrutural significativa, com números variados de íntrons, comprimentos de proteínas, valores de pI e massa molecular. Comparações ortológicas com outras espécies de plantas sugerem forte conservação dos genes PK, variando de 51% (*Arabidopsis thaliana*) a 78% (*Hevea brasiliensis*). Os ECRs enriquecidos nos promotores do gene PK estão ligados a FTs como Dof, MIKC_MADS e ERF, o que poderia melhorar as vias de sinalização e os genes responsivos ao estresse. Os dois acessos, Jc171 e Jc183, exibiram estratégias diferentes em resposta ao NaCl, com Jc171 mostrando mais modulação em genes PK, principalmente regulação negativa, do que Jc183. A validação através de ensaios qPCR confirmou candidatos PK específicos. Em outro trabalho, exploramos a diversidade estrutural e características físico-químicas das quinases semelhantes a receptores ricos em leucina (LRR), além disso, uma rede de interação proteína-proteína (PPI) foi construída com base nos genes diferencialmente expressos. O quinoma de *J. curcas* é composto por 259 proteínas LRR, codificadas por 200 unigenes. A análise fenética revelou 23 subfamílias LRR, sendo essa a maior e mais diversa família do grupo RLK-Pelle. A estrutura gênica e a disposição dos ECRs apresentaram variação intra e interfamiliar. A maioria das subfamílias encontra-se localizadas na membrana plasmática, reforçando a atuação dessas quinases na percepção de estímulos e mediação da cascata de sinalização. As subfamílias ancoradas na membrana apresentaram similaridade das propriedades proteicas. A rede PPI de Jc171 mostrou que as LRR reprimidas estão associadas a processos metabólicos, de crescimento e desenvolvimento da planta, além da resposta a estímulos. Em Jc183, a rede PPI associou as LRR a regulação de processos biológicos, resposta ao estímulo e regulação negativa da morte celular. Os dados apontam para uma divergência na resposta dos acessos ao estímulo salino, sugerindo que o mecanismo de resposta ao estresse é dependente do genótipo. Esta pesquisa fornece uma base sólida para estudos futuros sobre o papel das proteínas quinases de *J. curcas* no aumento da adaptabilidade das plantas aos estresses abióticos, contribuindo para o desenvolvimento de culturas tolerantes a condições ambientais adversas.

Palavras-chave: Pinhão-Manso. Estresse Abiótico. Genômica. Transcriptômica. qPCR.

ABSTRACT

Jatropha curcas is a species with multiple applications, with an emphasis on its potential for reducing environmental damage, particularly in the biofuel industry and the environmental sector, aimed at phytoremediation, soil erosion prevention, and control. The studies presented here aimed to analyze the transcriptomes of contrasting *J. curcas* accessions in response to saline stimulus, with the goal of mining kinases with potential for application in crop genetic improvement. The study of *J. curcas* kinome focused on analyzing diversity, classification, genetic structure, cis-regulatory elements (CREs), and transcription factors (TFs). We also surveyed conserved domains, physicochemical attributes, and subcellular localization of protein kinases (PKs). The research includes an RNA-Seq analysis of JcPKs from two accessions exposed to NaCl (150mM/3h). The *J. curcas* kinome comprises 1,350 PKs encoded by 872 unique genes (approximately 3% of the species' protein-coding genes). Phylogenetic analysis revealed 20 distinct groups and 121 families/subfamilies. PK families exhibit significant structural diversity, with varying numbers of introns, protein lengths, pI values, and molecular masses. Orthologous comparisons with other plant species suggest strong conservation of PK genes, ranging from 51% (*Arabidopsis thaliana*) to 78% (*Hevea brasiliensis*). CREs enriched in PK gene promoters are linked to TFs such as Dof, MIKC_MADS, and ERF, which could enhance signaling pathways and stress-responsive genes. The two accessions, Jc171 and Jc183, exhibited different strategies in response to NaCl, with Jc171 showing more modulation in PK genes, primarily negative regulation, than Jc183. Validation through qPCR assays confirmed specific PK candidates. In another study, we explored the structural diversity and physicochemical characteristics of leucine-rich repeat receptor-like kinases (LRR-RLK). Additionally, a protein-protein interaction (PPI) network was constructed based on differentially expressed genes. The *J. curcas* kinome consists of 259 LRR proteins encoded by 200 unigenes. Phylogenetic analysis revealed 23 LRR subfamilies, making it the largest and most diverse family in the RLK-Pelle group. Gene structure and ECR arrangement showed both intra- and interfamily variation. Most subfamilies are located in the plasma membrane, reinforcing the role of these kinases in stimulus perception and signal transduction cascades. Membrane-anchored subfamilies displayed similar protein properties. The PPI network of Jc171 showed that repressed LRRs are associated with metabolic processes, plant growth and development, and response to stimuli. In Jc183, the PPI network linked LRRs to the regulation of biological processes, response to stimuli, and negative regulation of cell death. The data indicate a divergence in the responses of the accessions to salt stress, suggesting that the stress response mechanism is genotype-dependent. This research provides a solid foundation for future studies on the role of *J. curcas* protein kinases in enhancing plant adaptability to abiotic stresses, contributing to the development of crops tolerant to adverse environmental conditions.

Keywords: Physic nut. Abiotic stress. Genomics. Transcriptomics. qPCR.

LISTA DE ILUSTRAÇÕES

Figura 1.	Origem e distribuição mundial de <i>J. curcas</i>	15
Figura 2.	Caracteres morfológicos de <i>J. curcas</i> . (A) planta jovem; (B) planta adulta; (C) inflorescência com flores femininas e masculinas.....	16
Figura 3.	Classificação dos frutos de <i>J. curcas</i> em diferentes estádios de maturação com base na cor do exocarpo.....	17
Figura 4.	Sementes de <i>J. curcas</i>	18
Figura 5.	Aplicabilidades da espécie <i>Jatropha curcas</i>	21
Figura 6.	Via de sinalização sensível ao sal, SOS (<i>Salt Overly Sensitive</i>). Em condições normais SOS2 é reprimida pela proteínas 14-3-3 e Gigantea (GI). O desequilíbrio iônico causado pela salinidade promove a degradação de 14-3-3 e GI pelo proteassoma 26S, liberando SOS2. O Ca^{2+} induzido pelo excesso de sal desencadeia a atividade da proteína de ligação ao cálcio SOS3. Por fim, o complexo proteico SOS2-SOS3 fosforila o antiporter SOS1.....	26
Figura 7.	(A) Fosfotreonina, (B) fosfoserina, (C) fosfotirosina.....	28
Figura 8.	Ciclo catalítico básico da fosforilação por proteína quinase.....	30
Figura 9.	Etapas de uma análise de RNA-Seq.....	40

SUMÁRIO

1. INTRODUÇÃO	11
2. OBJETIVOS.....	13
2.1 Geral:	13
2.2 Específicos:.....	13
3. REFERENCIAL TEÓRICO.....	14
3.1 Aspectos gerais da cultura de <i>Jatropha curcas</i>	14
3.1.1 Origem e distribuição geográfica	14
3.1.2 Taxonomia e características botânicas.....	15
3.1.3 Importância econômica das <i>Euphorbiaceae</i> e aplicabilidade da espécie <i>Jatropha curcas</i>	18
3.2 Salinidade dos solos e seu efeito sob as plantas.....	24
3.3 Proteínas quinases	27
3.3.1 Definição e histórico de pesquisas.....	27
3.3.2 Estrutura, classificação e função	29
3.4 Bioinformática	33
3.4.1 Banco de dados biológicos	35
3.5 Ômicas.....	37
3.5.1 Transcriptômica	37
3.5.1.1 RNA-Seq.....	38
4. RESULTADOS E DISCUSSÃO	41
4.1 ARTIGO 1	41
4.2 ARTIGO 2	63
5. CONCLUSÕES	89
6. SÚMULA CURRICULAR	90
7. REFERÊNCIAS.....	92
8. APÊNDICE.....	101
8.1 Artigo 1.....	101
8.2 Artigo 2.....	169

1. INTRODUÇÃO

Dentre as espécies vegetais pertencentes à família das Euforbiáceas, destaca-se a *Jatropha curcas* L., popularmente conhecida como pinhão-mansó (SOUSA *et al.*, 2012). Trata-se de uma espécie não comestível de grande potencial econômico e considerada uma planta versátil, visto que apresenta múltipla aplicabilidade; sendo utilizada desde a raiz, caule, folha, fruto até a semente (KUMAR; BAPAT; JOHNSON, 2012).

As sementes de *J. curcas* apresentam elevado teor de óleo, 55-58% (MARTÍNEZ-HERRERA *et al.*, 2006). Razão pela qual o biocombustível a partir do óleo de *J. curcas* tem sido considerado um substituto prático para os combustíveis fósseis, auxiliando no controle do acúmulo de gases de efeito estufa. Além disso, é classificada como uma planta de alto rendimento, sendo aproveitado até os restos orgânicos para a utilização como adubo (YAQOOB *et al.*, 2021).

Além das empregabilidades citadas, *J. curcas* tem desempenhado um papel importante na área ambiental, sendo utilizada como cerca viva (FRANCIS; EDINGER; BECKER, 2005); prevenção e controle de erosão do solo, recuperação das áreas florestais degradadas, contenção de encostas e dunas (ALVES, 2008); fitorremediação de solos contaminados por metais, sequestro de carbono e redução de poluentes ambientais (PANDEY *et al.*, 2012).

Apesar de a espécie ser considerada relativamente tolerante ao déficit hídrico (KHEIRA; ATTA, 2009; MAES *et al.*, 2009), ela tem se mostrado sensível à salinização dos solos (SILVA *et al.*, 2011; GALDINO *et al.*, 2017). Estresses abióticos são as principais ameaças à sobrevivência de plantas cultivadas, interferindo diretamente no desenvolvimento e afetando a produção do cultivo em diferentes graus, variando de acordo com a duração e intensidade do estresse, podendo levar o cultivo à morte (YANG *et al.*, 2010; YE *et al.*, 2017).

Atualmente o acúmulo de sais no solo é uma das restrições ambientais encontrada para a produção de culturas, pois o elevado teor de sais no solo inibe a germinação, provocando redução do potencial hídrico. Além disso, o excesso de íons nas células promove alterações na atividade enzimática e síntese proteica. A salinidade ainda altera o transporte de água acarretando em estresse osmótico, “seca

por salinidade” e um desajuste celular, especialmente na relação Na^+/K^+ no citosol. A senescência e a morte celular programada são processos relacionados com a toxicidade iônica induzida pela salinidade (CRUZ; ANDRADE; ALVES *et al.*, 2016).

A adaptação das plantas, a fim de prevenir ou reduzir os danos causados pelo estresse, implica em alterações metabólicas e morfológicas. Atuando por trás dessas alterações, estão os mecanismos moleculares que regulam a expressão de uma gama de genes responsivos aos diferentes processos adaptativos (BHARGAVA; SAWANT, 2013). Dentre a diversidade de genes envolvidos na transdução de sinal em resposta ao estresse, destacam-se aqueles codificadores de proteínas quinases (LUDWIG; ROMEIS; JONES, 2004).

As quinases são enzimas que catalisam a reação de fosforilação de proteínas por meio da transferência do grupamento γ -fosfato terminal do nucleotídeo trifosfato (ATP ou GTP), para hidroxilas nos resíduos de aminoácidos específicos, e que nos eucariotos podem ser treonina, serina ou resíduos de tirosina (UBERSAX; FERREL, 2007; SILVA *et al.*, 2009).

A fosforilação de proteínas é uma modificação pós-traducional importante, pois controla processos que atuam na comunicação intra e extracelular, fornecendo um mecanismo elaborado na coordenação de funções celulares essenciais para o desenvolvimento da planta (SILVA *et al.*, 2009).

Desse modo, percebe-se que identificar proteínas quinases expressas diferencialmente em decorrência de um estímulo abiótico é de suma importância, e relevante para o melhoramento genético da cultura de *J. curcas*. Estas proteínas são componentes de redes reguladoras complexas que afetam não só as respostas de tolerância da planta ao estresse, mas atuam também nos processos de desenvolvimento.

2. OBJETIVOS

2.1 Geral:

Estudar a genômica funcional e comparativa de genes codificadores de quinases, expressos por acessos de *J. curcas* L., em respostas ao estresse salino, visando desenvolvimento de marcadores moleculares funcionais para uso no melhoramento genético da cultura.

2.2 Específicos:

- Identificar, anotar e classificar transcritos quinase, oriundos dos transcriptomas RNA-Seq de acessos contrastantes (tolerante e sensível) de *J. curcas*, produzidos em resposta ao estresse salino.
- Mapear *in silico* os *loci* de quinases de diferentes famílias, em genoma de *J. curcas* L., e avaliar sintonia com o genoma de *M. esculenta* e *R. communis*.
- Analisar a expressão de transcritos quinase para cada acesso, em relação ao respectivo controle negativo, visando identificar potenciais genes estresse-responsivos e de expressão oposta entre os acessos, tentando associá-los ao processo de tolerância.
- Executar análises fenéticas e estruturais de famílias gênicas de quinases, para predição de função.
- Validar transcritos alvos via qPCR.
- Desenvolver marcadores moleculares funcionais baseados em cDNAs.

3. REFERENCIAL TEÓRICO

3.1 Aspectos gerais da cultura de *Jatropha curcas*

3.1.1 Origem e distribuição geográfica

A espécie *Jatropha curcas* é nativa do México e da América Central, mas com ampla distribuição na América Latina, Índia e Sudeste da Ásia. É uma planta bem adaptada em condições áridas e semiáridas (PANDEY *et al.*, 2012). Acredita-se que esta espécie tenha sido dispersada para países da África e da Ásia por navios portugueses, a partir do Caribe via Ilhas de Cabo Verde e da antiga Guiné Portuguesa, atualmente Guiné-Bissau (HELLER 1996).

A introdução de *J. curcas* nas ilhas de Cabo Verde está diretamente relacionada aos interesses dos portugueses em melhorar os terrenos do arquipélago que apresentavam solos de baixa fertilidade, tendo em vista que dificilmente poderiam ser utilizados para culturas com menor tolerância. É provável que próximo a essa época a espécie tenha sido introduzida no Brasil, com a finalidade de utilizar seu óleo para prover a iluminação pública rural e urbana do estado do Rio de Janeiro (LAVIOLA *et al.*, 2018).

A palavra *Jatropha* deriva do Grego “Jatrós” (médico) e “trophé” (comida), evidenciando sua aplicação medicinal. O gênero *Jatropha* foi descrito pela primeira vez em 1753 pelo pesquisador Carolus Linnaeus, em sua obra *Species Plantarum* (KUMAR; SHARMA, 2008). Atualmente, há em torno de 175 espécies de *Jatropha* conhecidas (KUMAR; SRIVASTAVA; JHA, 2016).

As denominações populares da espécie variam de acordo com seu o local de ocorrência. *Jatropha curcas* L., predominantemente conhecido como pinhão-mansô, também é nomeado como purgueira, pinhão do Paraguai, pinhão-de-purga, pinhão bravo, purgante-de-cavalo, figo-do-inferno. Em outros países, como Honduras e El Salvador, é conhecido como *tempate*; os ingleses o conhecem como *physic nut*, *purging nut*, *barbados nut*; na França é denominado *médicinier*, *pignon d'Inde*, *purghère*; México, *piñoncillo* (ALVES *et al.*, 2008).

Essa ampla distribuição da espécie é um indicativo de sua capacidade de adaptação, visto que *J. curcas* pode crescer em altitudes mais baixas (0 – 500 m) e em áreas com temperatura média anual acima de 20°C, bem como em atitudes mais

elevadas e resistir a leves geadas, apresentando uma ótima tolerância às variações climáticas. A espécie pode ser cultivada em solos com poucos recursos de nutrientes, baixa fertilidade e umidade; assim como em solos rasos e calcários. Obtém-se sucesso no cultivo em regiões com escassez de água ou índice pluviométrico mais elevado (ISLAM; YAAKOB; ANUAR, 2011). A ampla distribuição de *J. curcas* está representada na Figura 1.

Figura 1. Origem e distribuição mundial de *J. curcas*.



Fonte: Adaptado de SILITONGA *et al.*, 2013.

3.1.2 Taxonomia e características botânicas

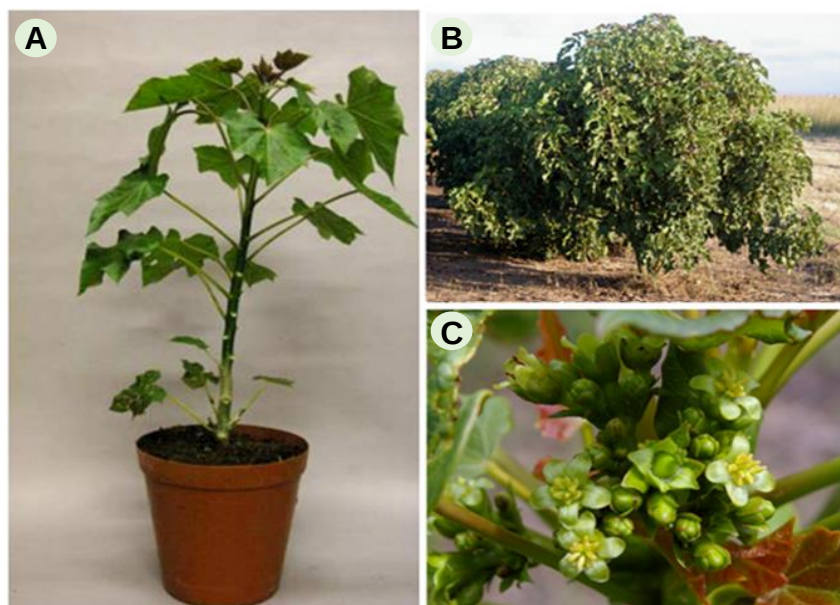
Dentre o grupo de angiospermas, a família Euphorbiaceae está entre as plantas com maior importância econômica. Dos 300 gêneros, que constituem essa família, o gênero *Jatropha* se destaca com a espécie *Jatropha curcas* L., popularmente conhecida como pinhão-mansô (LUCENA *et al.*, 2014), é uma espécie arbustiva,

perene e monoica pertencente à subfamília Crotonidae, tribo Hippomaneae, subtribo Jatropheae, gênero *Jatropha* (HELLER, 1996; ALVES *et al.*, 2008).

O pinhão-mansinho apresenta rápido crescimento, com altura variando entre 2 a 3 metros, podendo atingir até 5 metros. O tronco ramificado apresenta um diâmetro com cerca de 20cm. As folhas atingem entre 10 a 15 cm de comprimento com 7,5 a 12,5 cm de largura, apresentam coloração verde, esparsas e com aspecto brilhante. As folhas largas e alternadas têm formato de palma, com três a cinco lóbulos, peciolada e apresentando nervuras esbranquiçadas e salientes na face inferior da área foliar. Quanto as características dos pecíolos, apresentam formato redondo, liso, com 4 a 6 centímetros de comprimento, espículas ausentes (VIRGENS *et al.*, 2017).

O pinhão-mansinho é uma espécie monoica, apresentando flores femininas e masculinas na mesma planta (Figura 2). No entanto, também pode apresentar flores hermafroditas, sendo estas ocorrências raras. A ocorrência desse tipo floral provavelmente está relacionada com uma reversão à condição ancestral da espécie (PESSOA *et al.*, 2018).

Figura 2. Caracteres morfológicos de *J. curcas*. (A) planta jovem; (B) planta adulta; (C) inflorescência com flores femininas e masculinas.



Fonte: Adaptado de ABDELGADIR; VAN STADEN, 2013.

Os frutos do pinhão-mansinho passam por diferentes estágios de maturação (Figura 3), alterando a pigmentação de sua morfologia externa. A cor do exocarpo

varia de verde, verde-amarelado, amarelo, amarelo-acastanhado, marrom-amarelado e marrom seco. Os frutos em estágio de maturação apresentam um perfil morfométrico de 2,72 cm de comprimento e 2,14 cm de largura. (BRITO *et al.*, 2015). De acordo com os dados do estudo de Dalchiavon e colaboradores (2010), estima-se que a média de produção seja de 280,5 frutos por planta, tendo como valor mínimo 207 e máximo 424 frutos.

Figura 3. Classificação dos frutos de *J. curcas* em diferentes estádios de maturação com base na cor do exocarpo.



Fonte: BRITO *et al.*, 2015.

O fruto apresenta em seu interior, geralmente, três sementes com a média de comprimento de 18,26 mm e largura de 9,88 mm (DALCHIAVON *et al.*, 2010). A semente é endospérmica, exibe uma forma ovalada, dorso convexo; seu envoltório apresenta um aspecto liso com coloração preta e presença de estrias finas (Figura 4). No interior da semente localiza-se o albúmen ou endosperma, o qual possui uma coloração esbranquiçada e alto teor de óleo (NUNES *et al.*, 2009).

Figura 4. Sementes de *J. curcas*.



Fonte: DRUMOND; ARRUDA; ANJOS, 2008.

O sistema radicular do pinhão manso é considerado do tipo pivotante, no qual as raízes primárias crescem e aprofundam-se rapidamente, adquirindo diâmetros maiores nas camadas de 0 - 40 cm de profundidade no solo, o que sugere uma estrutura de sustentação; estas raízes são capazes de atingir maiores profundidades e explorar bem o volume do solo. Ao passo que nas camadas de 40 - 60 cm encontra-se predominantemente raízes finas, característica de raízes absorventes, responsáveis pela absorção de água e sais minerais; estas raízes secundárias são abundantes e encontram-se bem espalhadas no perfil do solo (ALVES *et al.*, 2008; SEVERINO *et al.*, 2007; COSTA *et al.*, 2015).

O pinhão manso apresenta uma maior concentração de raízes nas camadas mais próximas à superfície do solo, em virtude das condições mais favoráveis para o desenvolvimento da planta, tendo em vista que nessas camadas há uma maior atividade biológica e disponibilidade de nutrientes (ALVES *et al.*, 2014).

3.1.3 Importância econômica das Euphorbiaceae e aplicabilidade da espécie *Jatropha curcas*

As Euphorbiaceae estão entre as famílias consideradas de grande importância econômica, tendo aplicação nos mais diversos setores, como industrial, alimentar e medicinal. A seringueira (*Hevea brasiliensis*) é uma das espécies dessa família que apresenta tanto um potencial econômico quanto uma importância social e histórica no

Brasil, visto que a extração do látex e comercialização da borracha foi crucial para o crescimento de diversas cidades (D'AGOSTINI, *et al.*, 2003).

A mandioca (*Manihot esculenta*) é considerada uma das fontes básicas de alimento nas regiões tropicais, consumida principalmente *in natura*, na forma de farinha e derivados. O óleo da mamona (*Ricinus communis*) pode ser utilizado para diferentes finalidades, que inclui iluminação, unguentos corporais e na fabricação do óleo de rícino, responsável por promover o crescimento capilar. Outra espécie que apresenta grande potencial no óleo extraído de suas sementes é o Pinhão-mano (*Jatropha curcas*), considerado matéria-prima para a produção de biodiesel (XU *et al.*, 2010).

Jatropha curcas é uma espécie que possui múltipla aplicabilidade, sendo utilizada desde a raiz, caule, folha, fruto até a semente (Figura 5). É classificada como uma planta de alto rendimento, sendo aproveitado até os restos orgânicos para a utilização como adubo (YAQOOB *et al.*, 2021). Em muitos países é utilizada também como cerca viva para proteger áreas cultivadas da invasão por animais de fazenda como vacas, ovelhas e cabras, uma vez que a espécie não é utilizada para alimentação animal devido sua toxicidade (FRANCIS; EDINGER; BECKER, 2005).

Além disso, a espécie tem desempenhado um papel importante na área ambiental, sendo usada para a prevenção e controle de erosão do solo, recuperação das áreas florestais degradadas, contenção de encostas e dunas (ALVES, 2008). As raízes de *J. curcas* apresentam sistema pivotante que proporciona maior resistência à quebra, devido sua ancoragem nas camadas mais profundas do solo. Em contrapartida, as raízes rasas possuem um sistema de ancoragem superficial que auxilia na estabilização do solo. A cobertura de matéria seca formada pela parte aérea de *J. curcas* proporciona uma proteção ao solo, atuando na conservação do solo, redução de processos erosivos. A cobertura vegetal pode reduzir a perda d'água por evaporação e nutrir o solo a partir da decomposição da matéria orgânica (FERREIRA *et al.*, 2022).

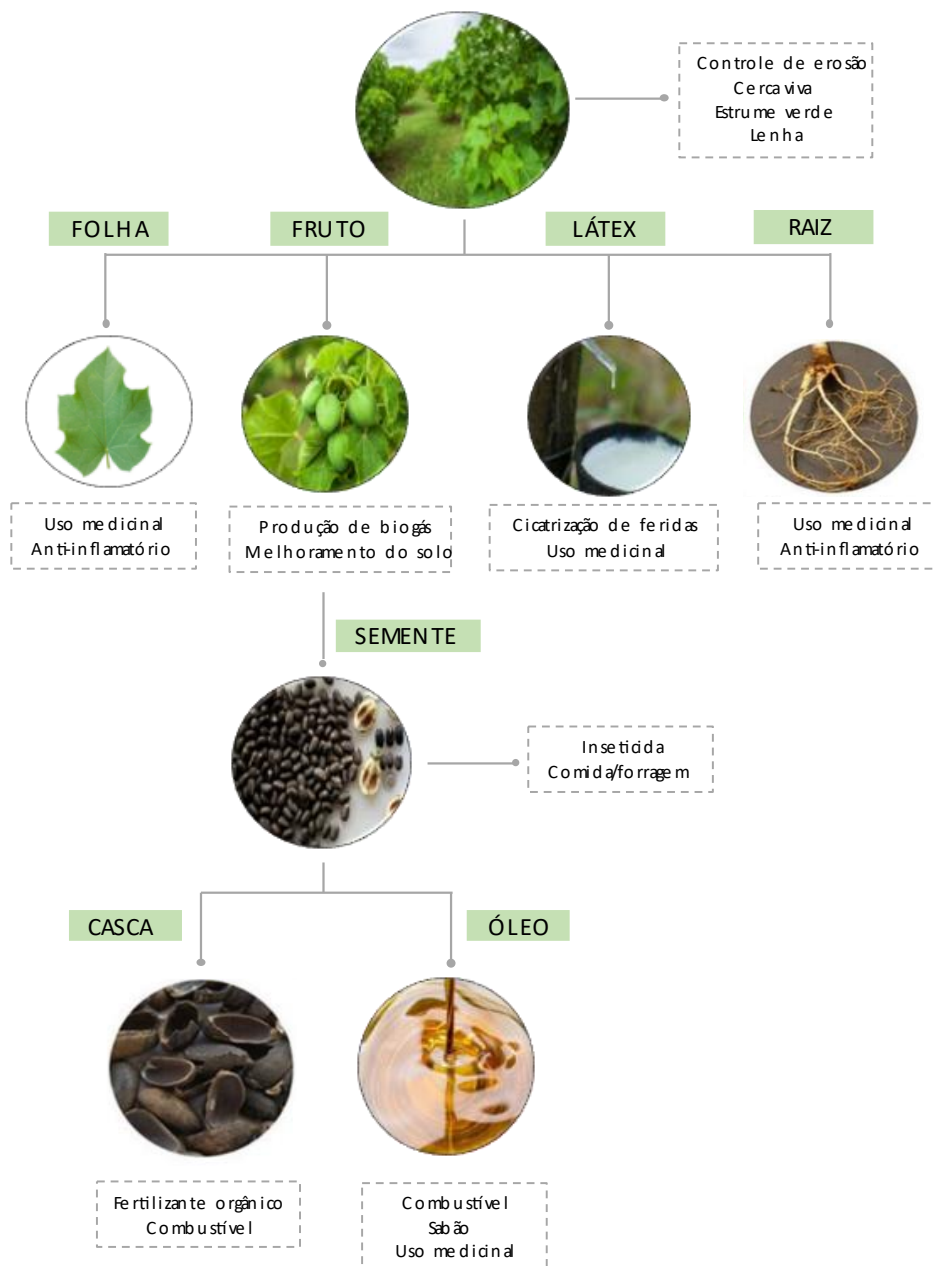
A cultura também vem sendo forte candidata ao uso como fitorremediação de solos contaminados por metais, sequestro de carbono e redução de poluentes ambientais (PANDEY *et al.*, 2012). Solos contaminados com mercúrio (Hg) oriundo da

mineração representam um risco para a saúde humana e o meio ambiente. Portanto, a busca por estratégias para minimizar os danos causados pela extração de minérios é de fundamental importância. Nesse cenário, *J. curcas* tem despertado grande interesse, para a implementação de técnicas de fitorremediação em áreas contaminadas (MARRUGO-NEGRETE *et al.*, 2016).

Diversas partes da planta de *J. curcas* tem aplicação na medicina popular, desde o látex, folhas, raízes e até a semente. O látex possui propriedades hemostáticas e atua de forma eficaz na cicatrização de feridas (ELIMIAN; EZE, 2019). A espécie é fonte de diversos metabólitos secundários importantes para a etnomedicina. Partes da planta como folha, frutos, látex e casca contêm glicosídeos, taninos, fitoesteróis, flavonoides e saponinas, os quais apresentam propriedades medicinais, atuando como agentes terapêuticos (DEBNATH; BISEN, 2008).

Os extratos de diferentes partes da planta apresentam concentrações distintas de fenólicos, flavonóides e saponinas. Os extratos da folha e látex apresentaram maior atividade antioxidante; enquanto que o extrato da raiz, bem como o do látex, indicou propriedades antinfamatórias eficazes. Além disso, o ensaio de citotoxicidade indicou que o extrato da raiz apresenta potencial como fonte de composto terapêutico anticancerígeno (OSKOUETIAN *et al.*, 2011). Estudos recentes sugerem o uso de folhas de *J. curcas* como fonte potencial de agentes anticancerígenos e antimicrobianos. Ambas as atividades biológicas foram obtidas a partir do extrato metanólico, o qual mostrou maior eficácia contra a linhagem celular de carcinoma hepatocelular e atividade antimicrobiana frente a bactérias Gram-negativas e Gram-positivas (SALEH *et al.*, 2023). Atividades antibacterianas e antifúngicas também foram relatadas para diferentes extratos do caule, raiz e flor (RAHU *et al.*, 2021).

Figura 5. Aplicabilidades da espécie *Jatropha curcas*.



Fonte: Adaptado de KUMAR; BAPAT; JOHNSON, 2012.

As sementes são utilizadas como purgativo, o que requer atenção, pois em excesso pode causar intoxicação e levar até a morte. Acredita-se que as propriedades tóxicas de *J. curcas* sejam decorrentes da ação da globulina curcasina e também do ácido jatrópico, atribui-se a esse último uma toxicidade igual ou superior a ricina (PEIXOTO, 1973). E já foi relatado que o extrato de alcaloides das sementes de *J. curcas* atua sobre a diminuição da motilidade do intestino (RUEDA *et al.*, 2013).

A toxicidade de *J. curcas* se mostrou uma propriedade com grande potencial para aplicação como pesticida, diversas pesquisas sugerem a eficácia de diferentes extratos de *J. curcas* no controle de pragas que causam perdas severas na produção de diferentes culturas agrícolas. Extratos obtidos das folhas, cascas e raízes foram relatados como eficazes contra diferentes estágios de desenvolvimento da mosca doméstica, *Musca domestica* (CHAUHAN *et al.*, 2015), o pó obtido das sementes foi relatado como tóxico contra o gorgulho-do-milho, *Sitophilus zeamais* (UKPAI *et al.*, 2017), e os extratos das folhas, cascas, sementes, tegumentos e raízes demonstraram atividade inseticida/antialimentar contra a traça-das-crucíferas (*Plutella xylostella*) e a largata do casulo do velho mundo (*Helicoverpa armigera*) (INGLE *et al.*, 2017). Além dessa aplicação, as flores são atrativas para as abelhas, possibilitando sua utilização na produção de mel; e o tanino extraído a partir da casca das sementes é utilizado para tratar o couro. O óleo das sementes pode ser utilizado na fabricação de sabão, na indústria de cosméticos, bem como na produção de combustível (OPENSHAW, 2000).

A popularização de *J. curcas* se deu, principalmente, pelo alto teor de óleo em suas sementes. O fato de seu cultivo requisitar tecnologia simples e um baixo investimento de capital, tornou-a uma espécie viável para a produção de biocombustível (FRANCIS; EDINGER; BECKER, 2005). O biocombustível a partir do óleo de *J. curcas* tem sido considerado um substituto prático para os combustíveis fósseis, auxiliando no controle do acúmulo de gases de efeito estufa. Além de remover o carbono da atmosfera, armazena-o nos tecidos lenhosos e auxilia no acúmulo de carbono no solo (OPENSHAW, 2000).

As sementes de *J. curcas* possuem um albúmen branco com alto teor de óleo cerca de 55-58% (MARTÍNEZ-HERRERA *et al.*, 2006), composto majoritariamente pelos ácidos graxos linoleico (40%), ácido oleico (25,7%) e ácido palmítico (19,6%). O óleo do pinhão manso é constituído por um teor de 70,5% de ácidos graxos insaturados e 29,5% de ácidos graxos saturados (LEMÕES *et al.*, 2011). Além da aplicabilidade do óleo das sementes para produção de bioetanol, já foi relatado a possibilidade de produção de metanol a partir dos subprodutos de *J. curcas*, como a casca e a farinha (VISSER *et al.*, 2011).

O rendimento de produção das sementes de *J. curcas* varia aproximadamente de 0,5 a 12 toneladas/ano/ha, dependendo de fatores como qualidade do solo, disponibilidade de nutrientes e índice pluviométrico da região. Calcula-se que um solo em boas condições e chuvas de 900-1200 mm podem favorecer uma produção anual de cinco toneladas de sementes/ha. O óleo das sementes pode ser convertido em biodiesel por meio do processo de transesterificação, onde um álcool simples (exemplo do metanol) substitui o glicerol das moléculas de óleo vegetal (triglicerídeos, sendo três moléculas de ácido graxos ligadas a uma molécula de glicerol). Os catalisadores usados no processo podem ser básicos (hidróxido de sódio, NaOH; ou potássio, KOH) ou ácidos (ácido clorídrico, HCl; ou sulfúrico, H₂SO₄). (FRANCIS; EDINGER; BECKER, 2005).

Francis e colaboradores (2005) também relatam que o biodiesel produzido a partir do óleo de *J. curcas* apresenta todas as propriedades físicoquímicas exigidas pelos padrões internacionais oficiais para a produção de biodiesel. Apesar do desempenho do motor com o biodiesel ser semelhante ao observado no diesel de combustível fóssil, há uma vantagem que se sobressai, a diminuição na emissão de vários poluentes.

A crescente demanda por combustíveis limpos e renováveis torna o biodiesel, um biocombustível produzido a partir de óleos vegetais, uma fonte de investimento viável para o setor de energia. Apresentando duas estratégias para sua utilização, pode ser usado na forma pura e adicionado diretamente nos motores de combustão interna, ou ainda, adicionado a uma mistura com o óleo diesel em qualquer proporção desejada (SILVA-MANN *et al.*, 2018).

Embora *Jatropha* seja considerada uma espécie promissora para a produção de biodiesel, ainda há barreiras que interferem no cultivo e na extração do óleo, o que dificulta assegurar quantidade suficiente de matéria-prima para produção de biodiesel em larga escala. O cultivo de *Jatropha* é prejudicado por barreiras ecológicas, econômicas, sociais e institucionais. Somado a isso, está o pouco incentivo por parte dos governos, o que acarreta na ausência de políticas claras, escassez de terras, acesso limitado a água de qualidade para irrigação, falta de tecnologia para colheita, processamento das sementes e extração do óleo (EWUNIE *et al.*, 2021), o conjunto desses fatores prejudicam o desempenho agrônômico do cultivo de *Jatropha*.

3.2 Salinidade dos solos e seu efeito sob as plantas

Os fatores ambientais são os principais desafios enfrentados pelas plantas, as constantes variações na disponibilidade de recursos são responsáveis por moldar a vegetação. O estresse ambiental severo e frequente pode promover uma pressão evolutiva para adaptações permanentes ou, no caso de ocorrer esporadicamente, exigir apenas que a planta responda adequadamente a variação ocasional do ambiente (ASENSI-FABADO; AMTMANN; PERRELLA, 2017).

A salinidade é um dos principais fatores ambientais que mais afetam o crescimento e desenvolvimento das plantas, limitando a fotossíntese, a absorção de nutrientes e elevando o acúmulo de íons a níveis tóxicos (ZHAO *et al.*, 2021). A salinização dos solos vem sendo uma preocupação crescente no setor agrícola, principalmente nas regiões semiáridas, resultando em prejuízos sociais, ecológicos e econômicos. Milhares de hectares são afetados pelo acúmulo excessivo de sais no solo, causando um aumento nas áreas de solo com baixa produtividade (SILVA *et al.*, 2013).

Os solos afetados por sal incluem tanto aqueles prejudicados pela salinidade quanto pela sodicidade. Os solos salinos apresentam sais solúveis em excesso, sobretudo o cloreto de sódio (NaCl) e sulfato de sódio (Na_2SO_4), juntamente com outros sais minerais neutros. Esse acúmulo de sais minerais é característico de regiões áridas e semiáridas. A salinidade do solo é medida em termos de condutividade elétrica, sendo considerado salino quando a condutividade do extrato de saturação do solo excede 4 dS m^{-1} . Enquanto que os solos considerados sódicos geralmente apresentam baixo teor de sal, mas uma alta porcentagem de sódio trocável, causando dispersão de partículas de argila e deterioração da estrutura do solo. É característico apresentar baixa permeabilidade à água e um pH acima de 8,2 (FAO, 2015).

Embora a salinização dos solos seja um processo decorrente de fatores naturais como o intemperismo de rochas e minerais, ele está diretamente atrelado às alterações climáticas, as quais vem passando por uma aceleração desenfreada devido as ações do homem. Algumas práticas inapropriadas têm causado grande prejuízo na qualidade do solo, por exemplo, a irrigação com água de baixa qualidade e gestão inadequada da água, assim como a drenagem deficiente dos solos, são

práticas que tendem a provocar alterações danosas ao lençol freático, ocasionando a mineralização da água que, em conjunto com a evaporação, propiciam solos mais salinos. Ainda, o uso indiscriminado de fertilizantes e resíduos químicos influenciam no acúmulo de determinados íons no solo, afetando de forma severa a produtividade dos cultivos (ZIA-UR-REHMAN *et al.*, 2016).

Os primeiros danos causados nas plantas pelo excesso de sais no solo são de natureza biofísica e percebido pelo sistema radicular, induz tensões osmóticas que restringe o transporte de água nas plantas (SILVEIRA *et al.*, 2010). O aumento da pressão osmótica faz com que a força de retenção da água no solo seja maior que a força de embebição dos tecidos das raízes, dificultando a absorção da água. A salinização dos solos pode atingir um nível no qual as plantas não consigam superar a pressão osmótica, passando pelo processo de seca fisiológica, onde ela não absorve água mesmo em um solo aparentemente úmido (DIAS; BLANCO, 2010).

A longo prazo, o estresse salino induz toxicidade iônica promovida em virtude do acúmulo excessivo de íons no citosol, cloro (Cl^-) e sódio (Na^+). Afetando principalmente a nutrição e o metabolismo das plantas. A fotossíntese é afetada tanto no estresse salino a curto quanto a longo prazo. Inicialmente ela é afetada por limitações estomáticas, causando diminuição na assimilação de carbono. A longo prazo, o sal acumulado nas folhas pode ocasionar à perda de pigmentos fotossintéticos e à inibição de enzimas do ciclo de Calvin (ACOSTA-MOTOS *et al.*, 2017).

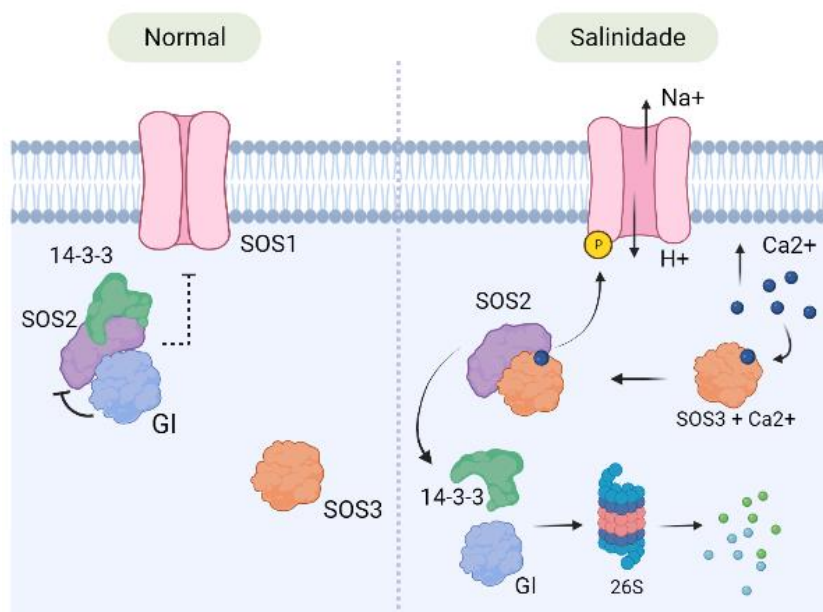
A salinidade também provoca estresse oxidativo nas plantas, causando perturbações nas organelas celulares devido a superprodução de espécies reativas de oxigênio (ERO) (ZHAHZADI *et al.*, 2019). Em condições normais, as moléculas de ERO exercem uma função importante na aclimação das plantas às tensões ambientais, no entanto, quando em excesso são consideradas tóxicas à célula (MILLER *et al.*, 2010). A elevada concentração de ERO provoca perturbações na homeostase iônica, interferindo no metabolismo celular da planta (TANVEER; AHMED, 2020).

Mecanismos de resposta ao estresse salino que auxiliem na manutenção do equilíbrio iônico nas células são de extrema importância. A via SOS (*Salt Overly Sensitive*) atua na regulação de Na^+/K^+ citosólico, garantindo a manutenção da

homeostase celular (Figura 6). Sob condições favoráveis de desenvolvimento a SOS2 é reprimida pela proteínas proteínas 14-3-3 e Gigantea (GI), diminuindo a atividade de SOS1. O desequilíbrio iônico provocado pela salinidade promove a degradação de 14-3-3 e GI pelo proteassoma 26S, liberando SOS2 (CHEN *et al.*, 2021).

O Ca^{2+} induzido pelo estresse salino desencadeia a atividade de proteínas de ligação ao cálcio SOS3 e SOS3-SCaBP8 (Proteína de ligação ao cálcio 8). Tais proteínas ativam a quinase SOS2, responsável pela fosforilação de SOS1, um antiporter Na^+/H^+ presente na membrana plasmática (LIN *et al.*, 2009).

Figura 6. Via de sinalização sensível ao sal, SOS (*Salt Overly Sensitive*). Em condições normais SOS2 é reprimida pela proteínas proteínas 14-3-3 e Gigantea (GI). O desequilíbrio iônico causado pela salinidade promove a degradação de 14-3-3 e GI pelo proteassoma 26S, liberando SOS2. O Ca^{2+} induzido pelo excesso de sal desencadeia a atividade da proteína de ligação ao cálcio SOS3. Por fim, o complexo proteico SOS2-SOS3 fosforila o antiporter SOS1.



Fonte: Autoral.

A quinase SOS1 é responsável por mediar o efluxo de Na^+ na epiderme da raiz, reduzindo a toxicidade nas células causada pelo desequilíbrio iônico. A partir de análises com genes mutantes, os pesquisadores acreditam que a região C- terminal de SOS1 compreenda um domínio auto inibitório, tendo sua atividade neutralizada a partir da fosforilação dependente do complexo SOS2-SOS3. Na análise de motivo altamente conservado, identificado como local de fosforilação do SOS2, foi comprovado a presença de uma serina. Posteriormente, foi observado que as

mutações no resíduo serina em SOS1, impedem a fosforilação por SOS2 (QUINTERO *et al.*, 2011).

A restauração da homeostase iônica na célula é considerada um dos mecanismos celulares cruciais para conferir à planta a tolerância necessária para lidar com as limitações impostas pela salinidade (GILLIHAM *et al.*, 2017). Especialmente em relação a manutenção das concentrações de Na^+/K^+ , pois o desequilíbrio iônico causa toxicidade celular e inibe processos importantes como absorção de K^+ , reações enzimáticas e síntese de proteínas (ALI; YUN, 2017).

A salinidade dos solos é encarada como um fator limitante para desenvolvimento das plantas, interferindo na germinação, crescimento, fotossíntese, respiração, síntese proteica, potencial hídrico e nas reações enzimáticas. Esse conjunto de eventos limita a sobrevivência, podendo chegar a causar a morte da planta, provocando uma perda em larga escala em cultivos suscetíveis ao estresse, levando ao prejuízo econômico (NEGRÃO *et al.*, 2017).

No entanto, as respostas das plantas frente a salinidade variam de acordo com a espécie, o genótipo, o estágio de desenvolvimento e, principalmente, o grau e duração do estresse ao qual está sendo submetida (CORTE-REAL *et al.*, 2019). Trata-se de uma resposta complexa e que envolve múltiplos genes envolvidos em diferentes vias regulatórias, ou ainda, em vias sobrepostas (MANSOUR; SALAMA, 2019).

3.3 Proteínas quinases

3.3.1 Definição e histórico de pesquisas

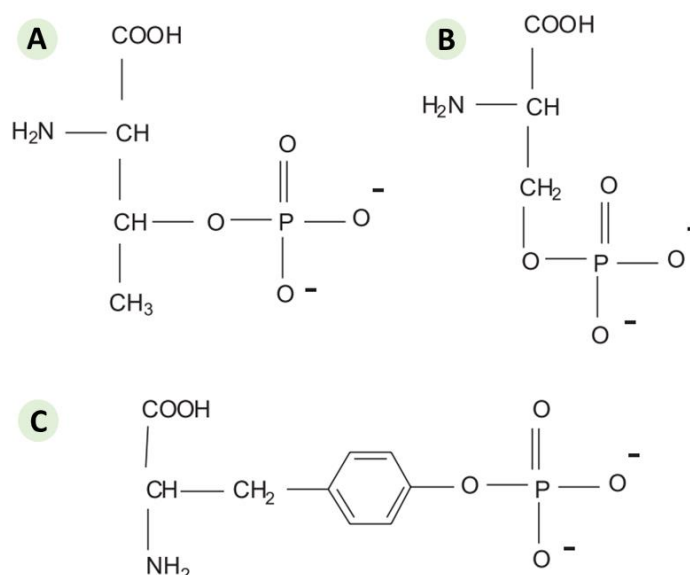
Para as plantas que são organismos sésseis, uma resposta eficiente às tensões ambientais é crucial para sua sobrevivência (CHAVES; FLEXAS; PINHEIRO, 2009). A fim de adaptar-se e sobreviver as condições ambientais adversas, as plantas desenvolveram mecanismos elaborados capazes de perceber alterações que afetem seu desenvolvimento e, a partir disso, transmitir diferentes sinais em responder ao estresse (BUNDÓ; COCA, 2017).

A adaptação das plantas, a fim de prevenir ou reduzir os danos causados pelo estresse, implica em alterações metabólicas e morfológicas. Atuando por trás dessas alterações, estão os mecanismos moleculares que regulam a expressão de uma gama de genes responsivos aos diferentes processos adaptativos (BHARGAVA; SAWANT,

2013). Dentre a diversidade de genes envolvidos na transdução de sinal em resposta a estas adaptações, destacam-se aqueles codificadores de proteínas quinases. Estas proteínas estão envolvidas na regulação de múltiplos processos celulares, os quais possibilitam a adaptação das plantas às condições adversas (ZHU *et al.*, 2021).

As quinases são enzimas que catalisam a reação de fosforilação de proteínas por meio da transferência do grupamento γ -fosfato terminal do nucleotídeo trifosfato (ATP ou GTP), para hidroxilas nos resíduos de aminoácidos específicos, e que nos eucariotos podem ser treonina, serina ou resíduos de tirosina, figura 7 (UBERSAX; FERREL, 2007; SILVA *et al.*, 2009).

Figura 7. (A) Fosfotreonina, (B) fosfosserina, (C) fosfotirosina.



Fonte: Silva *et al.* (2009).

O primeiro relato de fosforilação de proteínas vegetais foi observado em discos de folha de repolho-chinês, *Brassica pekinensis*, após a aplicação de cinetina, uma citocinina (RALPH *et al.*, 1972). Logo após, estudos realizados com lentilha, *Lemna minor*, observaram que proteínas ribossômicas localizadas na subunidade menor foram fosforiladas no resíduo serina (TREWAVAS, 1973). A primeira quinase isolada foi obtida a partir de brotos de ervilha, por meio de colunas de celulose DEAE (dietilaminoetanol) (KEATES, 1973). Algum tempo depois, proteínas quinases foram relatadas como componentes importantes para a regulação do complexo piruvato

desidrogenase em mitocôndrias das folhas de ervilha (RANDALL; WILLIAMS; RAPP, 1981).

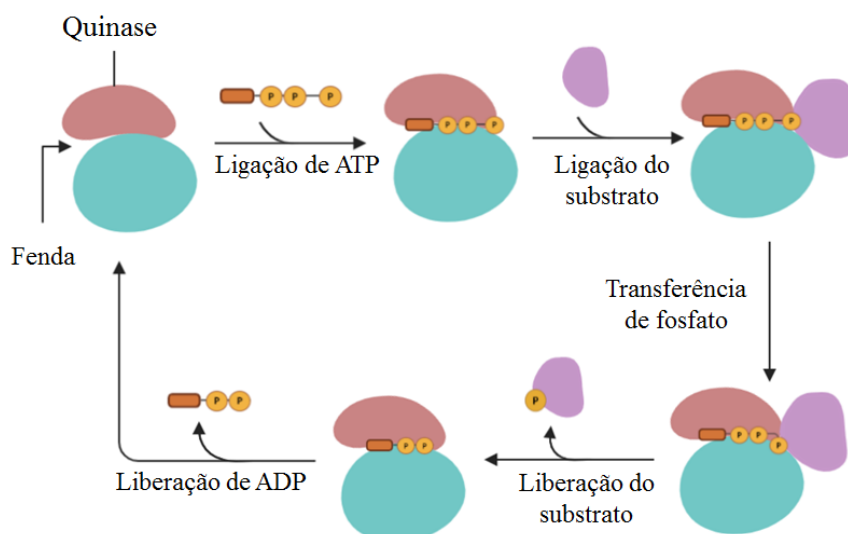
O crescente interesse pela atividade de fosforilação das proteínas quinases e sua atuação nos mecanismos regulatórios das plantas, bem como a utilização de técnicas como a cromatografia para auxiliarem no isolamento e purificação dessas proteínas, impulsionaram as pesquisas sobre quinases em diversas espécies. Em soja, duas quinases independentes de AMP cíclico foram isoladas do sobrenadante de cotilédones da espécie (*Glycine max*, L.), denominadas de caseína quinase I (CKI) e caseína quinase II (CKII) (GOWDA; PILLAY, 1982). Uma histona quinase independente de AMP cíclico foi extraída e parcialmente purificada de cotilédones do pinheiro, *Pinus pinea* (SAMBORSKY; ROY, 1982).

Pesquisas posteriores, investigaram o envolvimento do cálcio na regulação da fosforilação em diferentes estágios de desenvolvimento do tomate, *Lycopersicon esculenta* (RAHGOTHAMA; VELUTHAMBI; POOVAIAH, 1985), e em raízes de milho (*Zea mays* L.) (RAHGOTHAMA *et al.*, 1987). Outros estudos observaram a atividade de quinases na germinação do trigo, *Triticum aestivum*, simulando o processo de autofosforilação *in vitro* (SALUJA; BANSAL; SACHAR, 1987); e na regulação do processo de diferenciação celular em explantes de alcachofra de Jerusalém, *Helianthus tuberosus* L., promovido pelo etileno (KORITSAS, 1988).

3.3.2 Estrutura, classificação e função

As quinases são proteínas estruturalmente semelhantes, apresentando um domínio catalítico de aproximadamente ~250 a 300 resíduos de aminoácidos (LEHTI-SHIU; SHIU, 2012), cuja região responsável pela transferência de fosfato consiste em um pequeno lóbulo N-terminal de β -folhas, e um lóbulo C-terminal maior de α -hélices. O nucleotídeo de adenosina trifosfato (ATP) liga-se na fenda entre os dois lóbulos, de modo que a adenosina entre em contato com uma porção hidrofóbica, enquanto o grupamento fosfato fica voltado para o exterior em direção à solução. O substrato proteico se liga ao longo da fenda e o conjunto de aminoácidos conservados, que constitui o domínio catalítico da quinase, catalisa a transferência de fosfato (Figura 8).

Figura 8. Ciclo catalítico básico da fosforilação por proteína quinase.



Fonte: Adaptado de UBERSAX; FERRELL, 2007.

Embora as proteínas quinases compartilhem estruturas semelhantes, diferem entre si em termos de carga e hidrofobicidade dos resíduos de superfície. Essas diferenças são determinantes para a especificidade de ação das quinases (UBERSAX; FERRELL, 2007). Essas proteínas constituem uma das maiores e mais importantes famílias proteicas responsáveis pela fosforilação de proteínas, sendo consideradas componentes chave no controle de inúmeros processos celulares (MANNING *et al.*, 2002).

As quinases eucarióticas constituem uma grande superfamília de proteínas, sendo as quinases vegetais o maior grupo dentre os eucariotos. As proteínas quinase de plantas foram classificadas a partir de um estudo com 25 espécies vegetais, estas quinases abrangem cerca de 20 grupos, cada um composto por diferentes números de subfamílias. A expansão das proteínas quinases em plantas se deu por meio de duplicações, resultando em um grande repertório de proteínas, com números de membros variando entre famílias e subfamílias. Essa variação no tamanho do quinoma deve-se a contração e ampla expansão de algumas famílias de proteínas quinase (LETH-SHIU; SHIU, 2012).

Os 20 grupos de proteínas quinase são organizados em 9 grupos maiores: AGC (*Famílias de proteínas quinases A, G e C*), CAMK (Quinases reguladas por calmodulina/cálcio), CK1 (Quinase caseína/célula 1), CMGC (inclui quinases

dependentes de ciclina (CDKs), quinases ativadas por mitógeno (MAPK), quinases de síntese de glicogênio (GSK) e quinases semelhantes a CDK), RLK-Pelle (Quinase semelhante a receptor), STE (Homólogos dos genes de esterilidade da levedura), TKL (Semelhante a tirosina quinase), Group-PI (Específico de planta) e o grupo “Outros”, composto por famílias com poucos representantes (AUR, BUB, IREI, NAK, NEK, PEK, RLK, SCY1, TLK, TTK, ULK, WEE) (LEHTI-SHIU; SHIU, 2012). As quinases semelhantes a receptores (RLK) compõe o grupo mais expressivos dentro dos quinomas vegetais, com cerca de 565 membros em noz-pecã, *Carya illinoensis* (ZHU *et al.*, 2021) e 908 no feijão-caupi, *Vigna unguiculata* (FERREIRA-NETO *et al.*, 2021). Os membros de famílias de quinases vegetais que apresentam grande expansão, geralmente, desempenham funções importantes em processos específicos e alguns podem ter contribuído para a evolução adaptativa das plantas (LEHTI-SHIU; SHIU, 2012).

Dentre as subfamílias que compõem o grupo de receptores RLK, a família LRR (Quinase semelhante a receptores ricos em leucina) se destaca pela diversidade, com cerca de 23 subfamílias, e atuações nos diferentes processos biológicos de desenvolvimento e de respostas as tensões ambientais (SOLTABAYEVA *et al.*, 2022). A família LRR apresenta repetições ricas em leucina, com 20 a 30 resíduos de aminoácidos em *tandem*, cujos resíduos variam tanto em número quanto em arranjo dentro do domínio extracelular (SU; PENG; SHEN, 2022).

As proteínas LRR apresentam três domínios funcionais: um domínio extracelular, responsável por detectar estímulos externos, um domínio transmembrana que ancora a proteína na membrana e um domínio quinase intracelular, atuando na transdução de sinais por meio de autofosforilação e fosforilação subsequente de substratos específicos (GOU *et al.*, 2010). O domínio extracelular possui uma grande variedade de repetições de leucina, o que garante que as LRR reconheçam uma maior diversidade de ligantes (BOJAR *et al.*, 2014).

A interação com o ligante tende a induzir a dimerização de quinases receptoras com pequenos peptídeos, peptídeos ricos em cisteínas ou moléculas pequenas, a formação do complexo LRR e coreceptores levam a ativação do domínio quinase intracelular, desencadeando a transdução de sinal. Apesar do conhecimento a respeito da formação de tais complexos, ainda existem muitos outros ligante-receptor

a serem estudados, e a caracterização estrutural das LRR é essencial para compreensão da sua ativação em plantas (CHAKRABORTY *et al.*, 2019).

A importância desempenhada pelas proteínas quinases ao longo do ciclo de vida das plantas é refletido no percentual de genes codificadores de proteínas quinases nos genomas das espécies, referido como quinoma. O quinoma da espécie modelo *Arabidopsis thaliana* corresponde cerca de 3,4% de seus genes codificadores de proteínas (ZULAWSKI *et al.*, 2014). Pesquisas recentes têm relatado quinomas ainda mais representativos, como o observado para a videira, *Vitis vinífera* (3,7%; ZHU *et al.*, 2018a); feijão-caupi, *Vigna unguiculata* (4%; FERREIRA-NETO *et al.*, 2021); Noz-pecã, *Carya illinoensis* (3,1%; ZHU *et al.*, 2021). Percentuais menores foram observados para o abacaxi, *Ananas comosus* (2,8%; ZHU *et al.*, 2018b); e morango, *Fragaria vesca* (2,84%; LIU *et al.*, 2020a). Assim, 2 a 4% dos genes funcionais, destas espécies, codificam proteínas quinases. Ressaltando o importante papel das quinases nos diversos processos que envolvem a regulação em plantas.

A fosforilação de substratos celulares realizado por proteínas quinases é considerado evento central na sinalização celular, na regulação da expressão gênica, na proliferação celular, no metabolismo, na motilidade e transporte de membrana, e também na apoptose (HANKS, 2003). Portanto, é uma modificação pós-traducional importante, pois controla processos que atuam na comunicação intra e extracelular, fornecendo um mecanismo elaborado na coordenação de funções celulares essenciais para a sobrevivência das plantas (SILVA *et al.*, 2009).

Estudos recentes mostram a atuação de quinases como reguladores positivos na indução de genes responsáveis ao estresse abiótico. Dentre as principais famílias gênicas expressas estão as quinases ativadas por mitogêno (*Mitogen-activated Protein Kinase* - MAPK) (REHMAN *et al.*, 2020), proteínas quinases dependentes de cálcio (*Calcium-dependent Protein Kinase*-CDPK) (NIE *et al.*, 2018), quinases semelhantes a receptores (*Receptor-like Kinase* - RLK) (PASSRICHA *et al.*, 2019) e as quinases envolvidas na via extremamente sensível ao sal (*Salt Overly Sensitive* - SOS) (QIN *et al.*, 2020).

A fosforilação da cascata MAPK é um mecanismo essencial para a regulação das respostas intra e extracelulares, provenientes de diversos estímulos que

acometem as plantas. Estudos relatam a expressão de transgenes MAPK na resposta a estresses abióticos; o gene *SeMAPKK*, isolado de *Salicornia europaea*, foi induzido por estresse salino em plantas transgênicas (REHMAN *et al.*, 2020). A expressão do gene *PtMAPKK4*, isolado de *Populus trichocarpa*, também é aumentada sob estresse por salinidade. Nas folhas de plantas transgênicas de *Nicotiana tabacum*, essa expressão foi significativa no estágio inicial do estresse; já nas raízes, essa expressão inicial foi mais reduzida, seguida por um aumento na expressão. As linhagens transgênicas mostraram maior biomassa, peso fresco e comprimento da raiz em comparação com as plantas controle (YANG *et al.*, 2017).

As CDPKs integram uma grande família de quinases reguladas por cálcio (Ca^{+2}), algumas dessas proteínas diferem entre si quanto à afinidade por cálcio; o que possibilita que diferentes CDPKs respondam aos sinais de Ca^{+2} de acordo com a intensidade do estímulo. Essa característica confere funções importantes no desenvolvimento da planta, estando as CDPKs envolvidas nas vias de sinalização ao estresse abiótico, canais iônicos e transportadores, regulação da transcrição em resposta aos níveis hormonais (LEHTI-SHIU; SHIU, 2012). As linhagens transgênicas de batata (*Solanum tuberosum*) que expressam o gene *AtCDPK1*, isolado de *Arabidopsis thaliana*, apresentaram uma taxa de sobrevivência superior às plantas selvagens após estresse hídrico (NIE *et al.*, 2018).

As quinases RLKs são componentes críticos na regulação de diversas vias de sinalização, percepção, e processamento dos estímulos externos à célula. O gene *NtRLK5*, isolado de *Nicotiana tabacum* L., apresentou regulação positiva após estresse hídrico, em plantas transgênicas de *A. thaliana*, mostrando maiores níveis de expressão. Após o tratamento de seca, apenas 6,5% das plantas controle sobreviveram; no entanto, a taxa de sobrevivências das plantas transgênicas foi de 48,5%. Logo, a superexpressão do transgene *NtRLK5* conferiu a *A. thaliana* maior tolerância ao estresse hídrico. Adicionalmente, as plantas transgênicas sob estresse hídrico apresentaram maior expressão de genes relacionados com a eliminação de EROs, incluindo *AtSOD*, *AtPOD* e *AtCAT*, além de outros responsáveis ao estresse hídrico (XU *et al.*, 2018).

3.4 Bioinformática

Os avanços nas pesquisas moleculares levaram à gênese da bioinformática, tendo como propósito a recuperação, armazenamento e análise de sequências de nucleotídeos e proteínas, pretendendo obter uma visão mais acertada dos processos biológicos (YADAV, 2015).

A bioinformática é considerada uma ciência jovem, complexa e dinâmica, que utiliza o emprego de ferramentas computacionais para a elucidação de questões biológicas (VERLI, 2014). Em uma definição mais ampla, a bioinformática compreende o uso de técnicas computacionais, matemáticas e estatísticas com a finalidade de analisar, interpretar e gerar dados biológicos (ABRIL; MOLINA, 2018).

Em virtude de sua interdisciplinariedade, a bioinformática apresenta três componentes principais, os quais estão distribuídos em áreas distintas: biologia molecular com os bancos de dados, que permitem armazenar e gerenciar os dados biológicos; a matemática com os algoritmos e estatística, a fim de relacionar as informações dos bancos de dados; e por fim, a ciência da computação que disponibiliza as ferramentas computacionais, cruciais para a análise e interpretação dos dados biológicos (RAUT; SATHE; RAUT, 2010; BRANCO; CHOUPINA, 2021).

O desenvolvimento da bioinformática deve início há mais de 50 anos, quando o avanço tecnológico e o sequenciamento de dados que temos, atualmente, não passava de um cenário almejado. Seus alicerces foram estabelecidos a partir da aplicação de métodos computacionais para analisar sequências proteicas, visto que sua natureza química era bem mais compreendida que a do DNA (GAUTHIER *et al.* 2019).

Em 1960, Margaret Dayhoff, físico-química americana atuou em conjunto com o físico Robert S. Ledley, explorando o potencial da utilização dos computadores nas áreas da biologia e medicina. Juntos, desenvolveram um programa de computador intitulado COMPROTEIN. O software foi o pioneiro no sequenciamento, projetado para determinar a estrutura primária de uma proteína, utilizando dados de sequenciamento de peptídeos pelo método Edman. No entanto, esse método de degradação apresentava limitações quando se trata de obter grandes sequências de proteínas (DAYHOFF; LEDLEY, 1962; GAUTHIER *et al.* 2019).

Os avanços, tanto na biologia molecular com metodologias que aprimoraram a manipulação do DNA; quanto na ciência da computação, com o desenvolvimento de computadores cada vez mais potentes e ferramentas mais adequadas para auxiliar as análises de bioinformática, possibilitaram grandes melhorias no sequenciamento de dados (GAUTHIER *et al.* 2019). No entanto, os métodos pioneiros no sequenciamento não apresentavam custo benefício acessível, além de demandarem bastante tempo. Essas limitações possibilitavam apenas o sequenciamento de pequenos genomas (GIANI *et al.*, 2020)

Com o intuito de acelerar o processo, surgiu a proposta do sequenciamento *shotgun*, permitindo sequenciar genomas maiores e em menos tempo, otimizando a obtenção de dados. As décadas de 80 e 90 foram marcadas pelo avanço tecnológico que, em conjunto com processos industriais e o desenvolvimento do Projeto Genoma Humano, impulsionaram de maneira significativa o desenvolvimento de tecnologias de alto rendimento e obtenção de dados em larga escala, dando origem ao Sequenciamento de Nova Geração (NGS) (GIANI *et al.*, 2020).

O NGS possibilitou a ascensão da genômica vegetal e, conseqüentemente, uma melhor compreensão biológica sobre uma grande variedade de culturas. Esse avanço foi crucial para o aprimoramento das estratégias de melhoramento vegetal, acelerando o desenvolvimento de culturas mais tolerantes aos estresses bióticos e abióticos (BLÄTKE *et al.*, 2021).

3.4.1 Banco de dados biológicos

A análise comparativa de dados genômicos de plantas possibilita a compreensão de muitas questões importantes a respeito da biologia vegetal. Atualmente, há vários bancos de dados que dispõem de uma grande coleção de dados biológicos de diversas espécies de plantas (CHEN *et al.*, 2018). Os bancos de dados constituem uma parte essencial da bioinformática, pois permitem que pesquisadores de todo o mundo tenham acesso rápido a novas informações de uma vasta variedade de organismos (SHANKAR; DWIVEDI; ARYA, 2021).

O NCBI (*National Center for Biotechnology Information*; ncbi.nlm.nih.gov) é considerado um dos maiores e mais importantes bancos de informações biológicas do mundo (WINTER, 2017). O NCBI conta com um amplo repositório de dados, constituído por vários bancos, dentre eles estão: *Assembly*, que fornece informações

sobre a estrutura de genomas montados e outros meta-dados; *Reference Sequence* (RefSeq), uma coleção de informações genômicas, transcricionais e proteicas. O RefSeq fornece referências estáveis para anotação do genoma, identificação e caracterização dos genes. O *Conserved Domains Database* (CDD), que compreende uma coleção de alinhamentos de sequências e perfis que representam domínios proteicos conservados ao longo da evolução molecular.

O NCBI abriga 4 genomas para a espécie *J. curcas*, todos montados a nível de *scaffold*. JAT_r4.5 foi o primeiro genoma depositado no banco de dados, foi sequenciado utilizando uma combinação do método convencional Sanger e métodos de sequenciamento multiplex de nova geração (SATO *et al.*, 2011). Na montagem de JatCur_1.0 foi utilizada tecnologia de sequenciamento de nova geração, a fim de analisar perfis globais de expressão genética de *J. curcas* (raízes e folhas) sob estímulo salino (ZHANG *et al.*, 2014).

Para o genoma RIL_Jcurcas_v1 foi utilizada uma montagem híbrida, combinando a abordagem de novo e tecnologias de sequenciamento Illumina e PacBio (KANCHARLA *et al.*, 2019). Em virtude do genoma de *J. curcas* ser constituído por um alto teor de elementos repetitivos, na montagem de RJC1_Hi-C foi utilizada a técnica de ligadura de proximidade Hi-C, para re-*scaffold* da montagem híbrida do genoma de um genótipo de elite (RJC1), desenvolvido por meio de tecnologias Illumina e Pacbio (JALALI *et al.*, 2020). Atualmente é considerado como genoma de referência para a espécie.

O iTAK (itak.feilab.net/cgi-bin/itak/index.cgi) é uma base de dados para a identificação e classificação de fatores de transcrição, reguladores transcricionais e proteínas quinases (ZHENG *et al.*, 2016). A última atualização da base de dados realizada em 2018, conta com 197 genomas de plantas. As regras de consenso para identificar e classificar de fatores, bem como os perfis HMM das proteínas quinases foram implementadas no programa iTAK online (v1.6) e na versão autônoma do programa, visando otimizar o uso das informações da base de dados.

A base de dados do iTAK referente a proteínas quinases é composta por 165 espécies vegetais. As quinases são divididas em 9 diferentes grupos, dentro dos quais estão localizadas as famílias de proteínas e suas respectivas subfamílias: AGC, CAMK, CK1, CMGC, Planta-específico, RLK-Pelle, STE, TKL e o grupo Outros. Este

último grupo é composto pelas famílias com poucos representantes: AUR, IRE1, NAK, NEK, PEK, SCY1, TLK, TTK, ULK, WEE, WNK.

3.5 Ômicas

A bioinformática é um campo interdisciplinar que inclui áreas de estudo como biologia molecular, ciência da computação e inteligência artificial (RAUT; SATHE; RAUT, 2010). A biologia molecular passou por grandes avanços com o desenvolvimento de tecnologias de sequenciamento de última geração, a redução dos custos dessas tecnologias promoveu maior popularização e acessibilidade. As tecnologias ômicas de alto rendimento são capazes de reunir uma quantidade surpreendente de dados biológicos em um curto período de tempo (LEUNG, 2017).

As tecnologias “ômicas” possibilitam a detecção de alterações biológicas importantes nos principais níveis de funcionamento de um sistema biológico. Partindo desde a identificação dos genes e sequências não codificantes (genômica), RNAs (transcriptômica), proteínas (proteômica), até os metabólitos (metabolômica). E não se restringem a apenas estas quatro ômicas, ainda podem apresentar subdivisões importantes como lipidômica, glicômica, interatômica, epigenômica e fenômica (VOLKOVA; GERAS'KIN, 2018). Os avanços tecnológicos e o rápido desenvolvimento de sequenciamento de nova geração (NGS), tornaram possíveis obter informações importantíssimas sobre sistemas biológicos complexos (MENON; LUI; TAM, 2021).

3.5.1 Transcriptômica

A transcriptômica consiste no estudo do conjunto completo de transcritos expressos em um organismo submetido a determinadas condições. Essa análise descreve o perfil de expressão gênica em condições contrastantes, identifica e quantifica os RNAs nos mais diversos tecidos e condições fisiológicas. Auxiliando na compreensão do impacto das alterações externas nos processos biológicos (MIRANDA; DIAS, 2021; PACHECO *et al.*, 2019).

O estudo do transcriptoma de uma espécie possibilita compreender os elementos funcionais do genoma, caracterizando-se como uma análise crucial para entender a relação entre o genótipo e o fenótipo (ZHAO *et al.*, 2019). Pois fornece uma análise comparativa profunda do perfil de expressão dos genes e sua abundância entre várias amostras. A amostra biológica pode ser selecionada a partir de um estágio

específico de desenvolvimento do organismo, ou em resposta a um determinado tratamento (GENIZA; JAISWAL, 2017).

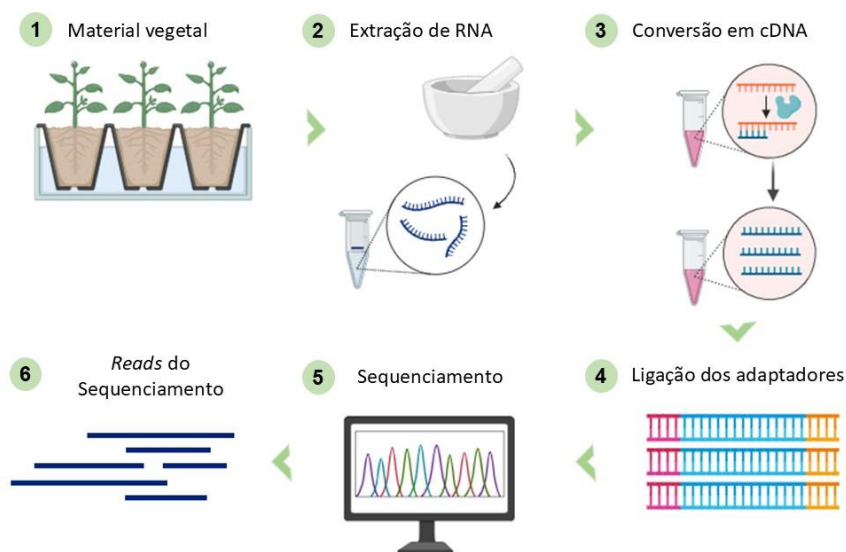
Diferentes métodos foram desenvolvidos para realizar a análise transcriptômica: sequenciamento de sequência expressa (*expressed sequence tag* – EST; ADAMS *et al.*, 1991); análise serial da expressão genética (*serial analysis of gene expression* – SAGE; VELCULESCU *et al.*, 1995), microarranjos de DNA (DNA *microarray*; DUGGAN *et al.*, 1999), e o sequenciamento de RNA (RNA-Seq) utilizando tecnologias de sequenciamento de nova geração (*next-generation sequencing* - NGS) (MORTAZAVI *et al.*, 2008).

3.5.1.1 RNA-Seq

Os avanços nos estudos de transcriptômica se deu a partir do desenvolvimento de metodologias que fornecem informações mais robustas sobre as sequências estudadas. A análise de RNA-Seq utiliza o sequenciamento de alto rendimento para validar a presença de transcritos em uma amostra biológica e quantificar sua abundância (MIRANDA; DIAS, 2021). Essa metodologia apresenta grande capacidade de detecção, permitindo identificar um maior número de transcrições diferencialmente expressas com maior precisão, sendo possível a identificação de transcritos com baixa abundância, bem como a presença de isoformas (RAI *et al.*, 2017).

A extração do RNA é uma etapa crucial para a obtenção das bibliotecas de RNA-Seq. Visto que o RNA total é constituído principalmente de RNA ribossômico, é necessário realizar o isolamento do mRNA (MIRANDA; DIAS, 2021). O RNA é convertido em bibliotecas de cDNA com adaptadores ligados a uma ou ambas as extremidades (Fig. 9), em seguida, cada molécula passa pelo sequenciamento de alto rendimento, obtendo sequências curtas. As leituras resultantes do sequenciamento (*reads*), são destinadas a montagem do transcriptoma (WANG, GERSTEIN, SNYDER, 2009).

Figura 9. Etapas de uma análise de RNA-Seq.



Fonte: Autoral (2023).

Atualmente as estratégias de montagem do transcriptoma se enquadram em três categorias: baseada em referência, estratégia *de novo* ou ainda, uma estratégia combinada que faz a junção das duas estratégias anteriores (MARTIN; WANG, 2011). A montagem baseada em referência só é possível quando o genoma da espécie de interesse está disponível, sendo considerada a estratégia de montagem mais eficiente em virtude de sua alta sensibilidade, pois possibilita montar transcritos de baixa abundância (MARCHANT *et al.*, 2016).

O sucesso em optar por essa estratégia depende muito da qualidade do genoma de referência. Alguns genomas podem conter grandes deleções genômicas que acarretam em uma montagem incorreta ou transcriptomas parcialmente montados (MARTIN; WANG, 2011). Em contra partida, a montagem *de novo* é uma abordagem que viabiliza uma alternativa importante para estudos de transcriptoma que não contam com o genoma de referência da espécie disponível ou que se encontra incompleto (MARCHANT *et al.*, 2016).

No entanto, essa abordagem requer maiores recursos computacionais diante da necessidade de sequenciamento com maior profundidade para montar transcritos de comprimento total. É uma estratégia de montagem que apresenta maior

sensibilidade ao erro de sequenciamento e à presença de moléculas quiméricas no conjunto de dados gerados (MARTIN; WANG, 2011).

A montagem de transcriptomas mais abrangentes pode ser alcançada por meio da combinação das duas abordagens anteriormente citadas, tornando-as estratégias complementares. A junção da alta sensibilidade da montagem por referência com a capacidade da montagem *de novo* em descobrir novas transcrições pode indicar uma poderosa estratégia. Quando aplicada em genomas de referências fragmentados, promove um aumento no comprimento das *contigs*, e resulta na montagem de um transcriptoma mais completo (MARCHANT *et al.*, 2016).

4. RESULTADOS E DISCUSSÃO

4.1 ARTIGO 1

Explorando o quinoma de *Jatropha curcas* L.: diversidade, conservação e fatores de transcrição no contexto da resposta ao estresse salino para maior resiliência das culturas

Francielly Negreiros de Araújo¹, Rahisa Helena da Silva¹, Elvia Jéssica da Silva Oliveira¹, Manassés Daniel da Silva¹, Wilson José da Silva Júnior¹, Laurício Endres², Éderson Akio Kido^{1*}

¹ Departamento de Genética, Centro de Biosciências, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife – PE, CEP 50670-420, Brasil

² Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas (UFAL), Maceió – AL, CEP 57072-970, Brasil

*E-mail autor correspondente: ederson.kido@ufpe.br

RESUMO: Este estudo oferece informações valiosas sobre o quinoma previsto de *Jatropha curcas*, com foco em aspectos de famílias/subfamílias de proteínas quinases (PK), incluindo diversidade, classificação, estrutura genética, elementos reguladores cis (ECRs) e fatores de transcrição associados (FTs). Em relação às proteínas PK, prospectamos domínios conservados, atributos físico-químicos e localização subcelular. A pesquisa inclui uma análise de RNA-Seq de dois acessos expostos a NaCl (150mM). O quinoma compreende 1.350 PKs putativas codificadas por 872 genes únicos (aproximadamente 3% dos genes codificadores de proteínas da espécie). A análise fenética revelou 20 grupos distintos e 121 famílias/subfamílias PK, sendo o maior grupo RLK-Pelle. As famílias PK exibem diversidade estrutural significativa, com números variados de íntrons, comprimentos de proteínas, valores de pI e massa molecular. Comparações ortológicas com outras espécies de plantas sugerem forte conservação dos genes PK, variando de 51% (*Arabidopsis thaliana*) a 78% (*Hevea brasiliensis*). Os CREs enriquecidos nos promotores do gene PK estão ligados a TFs como as famílias Dof, MIKC_MADS e ERF, o que poderia melhorar as vias de sinalização e os genes responsivos ao estresse. Os dois acessos, Jc171 e Jc183, exibiram estratégias diferentes em resposta ao NaCl, com Jc171 mostrando mais modulação em genes PK, principalmente regulação negativa, do que Jc183. A validação através de ensaios qPCR confirmou candidatos PK específicos. Esta pesquisa fornece uma base sólida para estudos futuros sobre o papel dos JcPKs no aumento da adaptabilidade das plantas aos estresses abióticos, contribuindo em última análise para o desenvolvimento de culturas tolerantes a condições ambientais adversas.

Palavras-chave: Pinhão-mansão · Estresse abiótico · Salinidade · Transcriptômica · qPCR · Melhoramento

Mensagem chave: este estudo investiga o quinoma de *Jatropha curcas*, revelando 1.350 proteínas quinases (PKs) diversas com domínios conservados e fatores de transcrição (TFs) associados que têm o potencial de aprimorar a sinalização de estresse. Também destaca diferentes respostas ao estresse salino em acessos de *J. curcas*. Esta pesquisa contribui para o desenvolvimento de culturas resilientes.

INTRODUÇÃO

Proteínas quinases (PKs) são enzimas essenciais que regulam a fosforilação de proteínas, transferindo grupos fosfato de trifosfatos de nucleotídeos (ATP ou GTP) para resíduos de aminoácidos específicos como treonina, serina ou tirosina (Übersax and Ferrel 2007; Silva et al. 2009). Esta modificação pós-tradução é crítica para a coordenação de processos celulares cruciais no desenvolvimento e sobrevivência das plantas (Silva et al. 2009). A importância das PKs no reino vegetal é evidente na sua prevalência nos genomas das plantas. Em *Arabidopsis thaliana*, constituem aproximadamente 3,4% dos genes codificadores de proteínas (Zulawski et al. 2014), cerca de 3,1% na noz-pecã (*Carya illinoensis*) (Zhu et al. 2021), podendo atingir até 4% em feijão-caupi (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.) (Ferreira-Neto et al. 2021). Esta extensa representação destaca os diversos papéis das PKs, incluindo seu impacto no crescimento e desenvolvimento das plantas, aumento da biomassa, comprimento das raízes e respostas a estresses ambientais como seca e salinidade (Yang et al. 2017; Rehman et al. 2020; Passricha et al. 2019). Apesar de identificar potenciais candidatos PK em estudos transcriptômicos sob estresses abióticos, é necessária uma análise abrangente e específica de PK em espécies cultivadas. Esta informação é crucial para compreender o papel das famílias PK na resposta fisiológica de uma planta e melhorar a tolerância ao estresse abiótico.

Jatropha curcas L., é uma planta oleaginosa versátil, possui um potencial econômico substancial, com cada parte da planta tendo múltiplas aplicações em diversas indústrias, saúde humana e medicina veterinária (Openshaw 2000). Sua toxicidade o torna adequado para a criação de cercas vivas para proteção de áreas contra intrusão de animais (Francis, Eddinger, Becker 2005) e auxilia no controle da erosão do solo, recuperação de terras e estabilização de encostas e dunas (Alves 2008; Ferreira et al. 2022). Além disso, os óleos de alta qualidade extraídos de suas sementes tornam-no um excelente candidato para a produção de biodiesel (Xu et al. 2010).

Dada a intensidade crescente dos estresses ambientais devido às alterações climáticas, é imprescindível compreender como as plantas respondem aos estresses abióticos e identificar genes responsivos que possam aumentar a resiliência das plantas. Este estudo teve como objetivo caracterizar o quinoma expresso de *J. curcas* utilizando RNA-Seq após 3 horas de exposição ao NaCl (150mM). A análise concentrou-se na investigação da estrutura éxon-íntron dos genes PK, seus promotores, transcritos e proteínas. O objetivo desta pesquisa é aprofundar nossa compreensão da resposta da planta ao estresse salino, identificar potenciais candidatos para exploração adicional de PKs responsivas ao estresse e contribuir para programas de melhoramento genético para *J. curcas* e espécies relacionadas, visando, em última análise, aumentar a tolerância em plantas de elite.

MATERIAIS E MÉTODOS

Identificação e Classificação de genes e proteínas quinase de *J. curcas*

Examinamos o genoma de referência de *J. curcas* (RefSeq RJC1_Hi-C; JACVEQ01, GCA_014843425.1) para identificar potenciais genes *JcPK*, estabelecendo a base para análises subsequentes. A proteína quinase (PK) primária para cada gene *JcPK* foi selecionada com base na sequência de aminoácidos mais longa para garantir uma representação consistente. A classificação do suposto *JcPK* foi realizada com base nos domínios Pfam (PF00069 e PF07714) usando o portal iTAK, cujo processo de classificação abrangente se baseou em critérios estabelecidos (Zheng et al. 2016), juntamente com resultados mostrando correspondências significativas (pelo menos 50%), as proteínas que possuem esses domínios foram organizadas sistematicamente em famílias de genes usando Modelos ocultos de Markov (Lehti-Shiu et al. 2012).

Realizamos uma caracterização abrangente de potenciais genes *JcPK* usando um script Genestats ([//github.com/darencard/GenomeAnnotation/blob/master/genestats](https://github.com/darencard/GenomeAnnotation/blob/master/genestats)). Isto facilitou a recolha de informações valiosas, incluindo: (a) Comprimento da sequência de transcrição; (b) Número de éxons; (c) Comprimento total da sequência do éxon; (d) Número de íntrons; (e) Comprimento total da sequência de íntrons; (f) Número de blocos de CDS; (g) Comprimento total da sequência CDS. Além disso, coletamos dados sobre o número de loci e a presença de domínios de quinase.

Análise ortológica para explorar relações evolutivas de genes de proteína quinase de *J. curcas*

Para fornecer informações valiosas sobre a conservação dos genes e para explorar as relações evolutivas dos genes *JcPK*, conduzimos uma análise ortológica para identificar potenciais ortólogos dos genes *JcPK*. Assim, *JcPKs* previstos a partir do quinoma de *J. curcas* foram usados como sondas para procurar proteínas semelhantes em proteomas correspondentes à montagem do genoma de *Arabidopsis thaliana* (Araport11, TAIR9), *Populus trichocarpa* (Pop_tri_v3, GCA_000002775.4), e espécies estreitamente relacionados a *J. curcas* [*Hevea brasiliensis* (ASM1045892v1, GCA_010458925.1), *Manihot esculenta* (M.esculenta_v6, GCF_001659605.1) e

Ricinus communis (JCVI_RCG_1.1, GCA_000151685.1)]. Esta comparação entre espécies foi essencial para identificar potenciais ortólogos, empregando a metodologia *Best Bidirecional Hit* (BBH; Overbeek et al. 1999) com critérios rigorosos (e -valor $\leq 10^{-10}$). Posteriormente, esses potenciais ortólogos foram associados aos genes das respectivas espécies, utilizando informações dos arquivos GFF dos genomas de referência anotados. Os diagramas de Venn foram gerados por ferramenta online (<http://www.interactivenn.net/>). Por fim, foi empregada a análise fenética ClustalX aplicando o método *neighbor-joining* com 1.000 repetições de *bootstrap* para validar as classificações iniciais, reforçando nossa confiança na identidade desses supostos *JcPKs*.

Características físico-químicos e predição de localização subcelular de proteínas quinases de *J. curcas*

As informações sobre o tamanho da proteína foram extraídas do banco de dados iTAK, e o *software* JVirGel (Hiller et al. 2006) foi usado para analisar o peso molecular (MW) e o ponto isoelétrico (pI) de supostas *JcPKs*. As localizações subcelulares foram previstas usando a ferramenta CELLO (Yu et al. 2006). Esses valores são válidos para caracterizar proteínas em estudo ou utilizá-los para identificação de proteínas.

Identificação de elementos *cis*-reguladores em regiões promotoras de *JcPK* e predição de fatores de transcrição

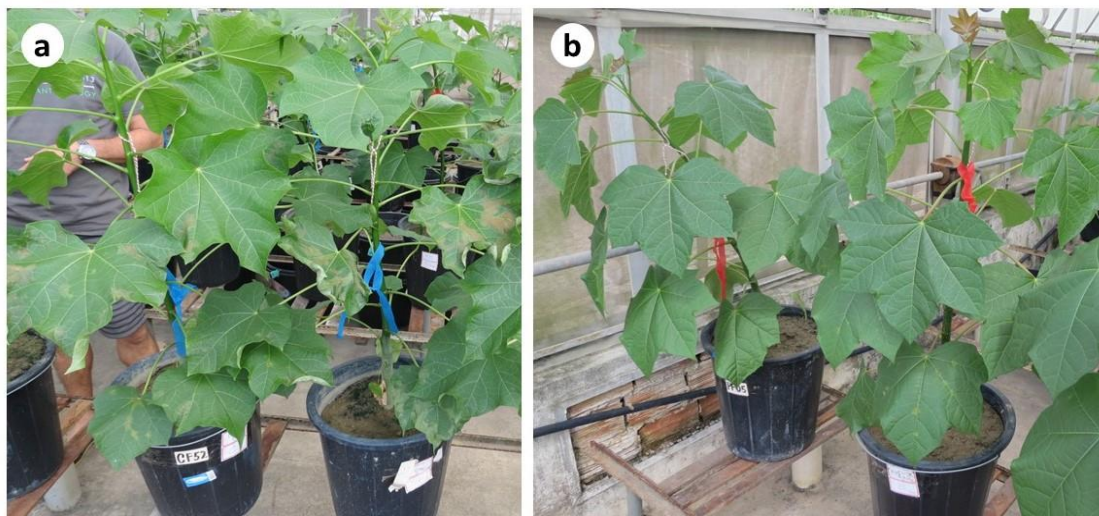
Este passo foi essencial para obter *insights* sobre a regulação dos genes *JcPK*. Iniciamos extraindo prováveis regiões promotoras, estendendo-se 1.000 pares de bases a montante do local de início da transcrição, a partir do genoma de referência de *Jatropha curcas*, o que nos permitiu focar nos elementos regulatórios. Foi realizada uma análise minuciosa dessas regiões para identificar a presença de motivos de elementos *cis*-regulatórios (ECRs) usando o *software* MEME (Bailey et al. 2015). Motivos de ECR enriquecidos foram considerados com base em critérios específicos (e -value $< 10^{-2}$). Esses motivos enriquecidos forneceram pistas sobre os fatores de transcrição (TFs). Além disso, previmos os TFs e realizamos uma análise de enriquecimento de TFs (p -value ≤ 0.01) usando ferramentas específicas do portal PlantRegMap (<http://planttfdb.gao-lab.org/>; Jin et al. 2016), usando os genes *JcPK* diferencialmente expressos (GDEs), identificados como descrito na próxima seção, como genes de entrada. A ferramenta encontra TFs que possuem alvos significativamente super-representados nos genes de entrada.

Análise do transcriptoma das respostas de acessos brasileiros de *J. curcas* ao estresse salino

Neste estudo, foram utilizados dados disponíveis no Laboratório de Genética Molecular de Plantas da Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife, Brasil. As 12 bibliotecas de RNA-Seq foram geradas a partir de dois acessos brasileiros distintos de *J. curcas*, Jc183 (*salt-tolerant-like*) e Jc171 (*less-salt-tolerant*), após exposição de 3 horas a NaCl 150mM (Fig. 1), conforme ensaio experimental descrito por De Souza et al. (2020). A montagem do transcriptoma considerou as leituras brutas obtidas por De Souza et al. (2020), que foram meticulosamente analisados e alinhados ao conjunto RefSeq RJC1_Hi-C de *J. curcas*, utilizado como genoma de referência (JACVEQ01, GCA_014843425.1). Bowtie2 v.2.3.5.1 (Langmead et al. 2019) foi usado para indexar o genoma de referência de *J. curcas* e o transcriptoma correspondente, com pré-processamento de dados envolvendo uma avaliação inicial de leituras brutas usando FastQC (bioinformatics.babraham.ac.uk/projects/fastqc). As etapas subsequentes incluíram a remoção do adaptador com Cutadapt (Martin 2011) e a filtragem de leituras "clipadas" com base em critérios de qualidade e comprimento, usando Sickle (github.com/najoshi/sickle) para garantir uma pontuação de qualidade mínima de 20. Os dados filtrados foram então alinhados ao transcriptoma de referência com Tophat2 (Kim et al. 2013), as planilhas e cálculos estatísticos foram gerados usando Cufflinks (github.com/cole-trapnell-lab/cufflinks).

Realizamos uma análise *in silico* para identificar GDEs *JcPK*, selecionando-os com base nos seguintes critérios: p -value $\leq 0,05$, q -value $\leq 0,05$ e valores $\text{Log}_2\text{FC} \geq 1$ (indicando regulação positiva, UR) ou ≤ -1 (regulação negativa, DR). Para fazer esta avaliação, comparamos os valores Log_2FC entre a biblioteca exposta ao sal e o controle correspondente sem sal. Os padrões de expressão em resposta à estimulação salina foram representados visualmente através de mapas de calor gerados usando o *software* TBtools (v1.0986; Chen et al. 2020).

Fig. 1 O impacto visual nas folhas de *Jatropha curcas* L. após exposição de três horas a solução nutritiva com NaCl 150mM. A imagem (a) revela as consequências da exposição ao sal em Jc171 (fita azul), incluindo danos visíveis nas folhas, ligeira curvatura das folhas, aparência murcha e escurecimento nas bordas, progredindo para necrose. A imagem (b) apresenta o acesso Jc183 (fita vermelha), sendo reconhecido como tolerante ao sal



Análise de ontologia gênica de genes diferencialmente expressos em acessos Jc171 e Jc183 de *J. curcas*

Para obter *insights* sobre as funções moleculares (FM), processos biológicos (PB) e componentes celulares (CC) associados aos GDEs nos acessos Jc171 e Jc183, conduzimos a análise de *Gene Ontology* (GO) através da ferramenta do portal PlantRegMap (<http://plantregmap.cbi.pku.edu.cn>; Tian et al. 2020). Inicialmente, os GDEs foram mapeados para IDs recíprocos usando BLAST (*Reciprocal Best Hits*, RBHs) e, posteriormente, os submetemos à análise de enriquecimento de termos GO ($p\text{-value} \leq 0,01$) para identificar termos significativos.

Validação de genes expressos diferencialmente em *J. curcas* usando qPCR

Para confirmar a expressão de GDEs selecionados, especialmente aqueles de Jc171, empregamos PCR quantitativo em tempo real (qPCR). Geramos cDNAs a partir de RNAs pré-tratados com DNase e realizamos qPCR no sistema de PCR Thermocycler LineGene 9600 (Bioer, Hangzhou, China) com detecção SYBR Green. Pares de *primers* específicos para os GDEs foram projetados usando a ferramenta Primer3 V.4.1.0 (Koressaar et al. 2018), com parâmetros definidos para tamanho do amplicon (70 - 150 pb), temperatura de melting [57 - 60 (ótimo) - 63°C] e conteúdo de GC [45 - 50 (ideal) - 55%]. Nossa configuração experimental incluiu triplicatas técnicas e biológicas para amostras tratadas com NaCl (150mM/3h) e controles negativos não tratados. Para acurácia dos dados, empregamos dois genes de referência, Actina e β -tubulina, previamente validados com as amostras (De Souza et al. 2020; De Lima Cabral et al. 2020). Cada 10 μ L de mistura de reação continha 1 μ L de cDNA (diluído 1:10), 5 μ L de Master Mix (Promega), 0,3 μ L de cada primer e 3,4 μ L de H₂O. Seguimos os protocolos de ciclagem qPCR e curva de dissociação conforme descrito por De Souza et al. (2020). Para analisar os dados de expressão relativa, utilizamos o *software* REST2009 (*Relative Expression Software Tool*; Pfaffl, Horgan, Dempfle 2002) e realizamos um teste de randomização com 10.000 permutações para avaliar diferenças significativas entre os grupos controle e tratamento.

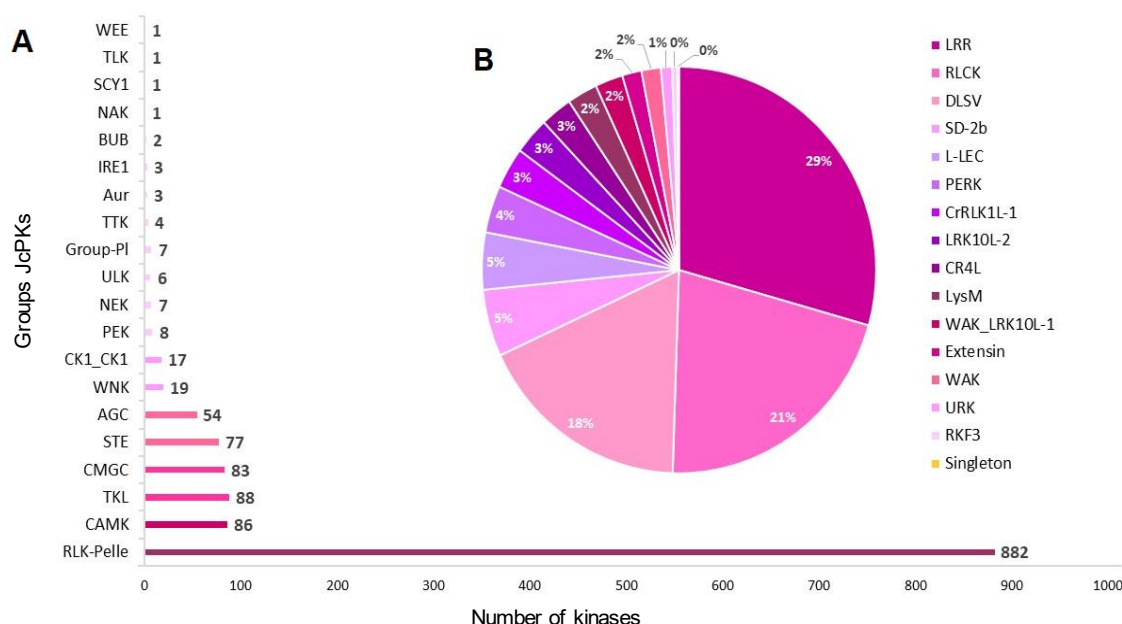
RESULTADOS

Análise abrangente do suposto quinoma de *J. curcas*: diversidade e classificação

Nossa análise do genoma de referência de *J. curcas* levou à identificação de um potencial quinoma com 1.350 *JcPKs* de 121 famílias/subfamílias PK (**Recurso online 1**). Para resolver discrepâncias envolvendo 47 candidatos *JcPK* não previstos inicialmente pela classificação iTAK, realizamos curadoria manual, com base em informações do UniProt, HMMER e CD-search. Os potenciais candidatos foram submetidos à análise fenética, resultando na identificação de 20 grupos distintos (**Recurso online 2**; **Fig. 2a**). A maior representação (882 membros) foi observada no grupo de proteínas RLK (Quinase semelhante a receptor)-Pelle (**Fig. 2b**),

correspondendo a aproximadamente 65% dos *JcPKs* previstos (**Recurso online 2**). Outros grupos dignos de nota incluíram TKL (Semelhante à tirosina quinase, 88 membros, 6%); CAMK (Quinase dependente de cálcio/calmodulina, 86 membros, 6%); CMGC (Quinases dependentes de ciclina (CDKs), proteínas quinases ativadas por mitógeno (MAPKs), glicogênio sintase quinases (GSKs) e quinases semelhantes a Cdc2 (CLKs), 83 membros, 6%); STE (Homólogos dos genes STE de levedura, 77 membros, 5%); e AGC (Proteínas quinase famílias A, G e C, 54 membros, 4%) (**Fig. 2a**). A análise revelou ainda várias famílias/subfamílias PK notavelmente bem representadas (**Recurso online 1**), como o grupo RLK-Pelle com 16 famílias/subfamílias (por exemplo, LRR, RLCK, DLSV), o grupo CMGC com 11 (por exemplo, CDK, MAPK), o grupo CAMK com seis (por exemplo, CHK1, CDPK), o grupo AGC com seis (por exemplo, RSK-2), o grupo TKL com três (especificamente TKL-PI-4) e o grupo STE também com três (principalmente STE11). Além disso, cerca de 40 famílias/subfamílias eram compostas por três a 47 membros cada, enquanto 14 famílias/subfamílias eram compostas por apenas um membro cada (**Recurso online 1**).

Fig. 2 Diversidade no quinoma de *Jatropha curcas*. (a) Grupos de proteína quinases e número de Membros; (b) Distribuição de Família/Subfamília Dentro do Grupo RLK-Pelle



Caracterização de famílias/subfamílias quinase de *J. curcas*: diversidade estrutural

A caracterização dos candidatos *JcPK* envolveu o exame de vários parâmetros, incluindo família/subfamília PK, comprimento da sequência transcrita, número de éxons/comprimento total da sequência do éxon, número de íntrons/comprimento total da sequência do íntron, número de blocos CDS /comprimento total da sequência CDS (**Recurso online 3**). Um resumo exibindo os valores médios para algumas famílias/subfamílias PK é apresentado na **Figura 3**. O "número de loci" dentro das famílias/subfamílias PK exibiu variações, com um mínimo de um locus observado em 35% das famílias e um máximo de 84 loci na família RLK-Pelle_DLSV. Quanto aos "números de domínios de quinase" dentro das famílias/subfamílias PK, que variaram de um (presente em 4% das famílias/subfamílias) a um máximo de quatro (na família CMGC_SRPK), a maioria apresentou dois a três domínios de quinase (94% das famílias). As famílias/subfamílias que apresentaram um único domínio de quinase foram BUB, PEK_PEK, CMGC (CDKL-Cr e GSKL) e RLK-Pelle_URK3 (**Recurso online 3**). Considerando o "número de íntrons", 112 *JcPKs* não apresentaram íntrons, distribuídos em vários grupos, incluindo RLK-Pelle (compreendendo Famílias/subfamílias: CR4L, CrRLK1L-1, L-LEC, LRK10L-2, LRR, LysM, RKF3, RLCK-Os, RLCK-XI, SD-2b, WAK_LRK10L-1), STE (STE7, STE11), CAMK (CAMKL-CHK1) e AGC (RSK-2). A família PEK_GC2 apresentou maior número de íntrons em suas estruturas, com 28 (**Recurso online 3**). Dentro do grupo RLK-Pelle, especificamente nas famílias RKF3, RLCK-XI, RLCK-Os e subfamílias LRR VII-2, VII-3, XI-2 e Xb-1, o número de íntrons variou de 0 a dois (**Figura 4**). Em contraste, a subfamília LRR-XIIIb se destacou dentro do grupo RLK-Pelle, mostrando o segundo maior número de íntrons (26) (**Recurso online 3**), demonstrando diversidade estrutural significativa dentro deste grupo.

Fig. 3 Características Estruturais das Famílias PK no quinoma de *Jatropha curcas*. Este gráfico fornece uma visão geral dos valores médios dos parâmetros calculados para as 121 famílias de quinases, incluindo valores mínimos (Mín.) e máximos (Máx.), bem como o valor majoritário (Maj.) e extensão de nucleotídeos (nucl.)

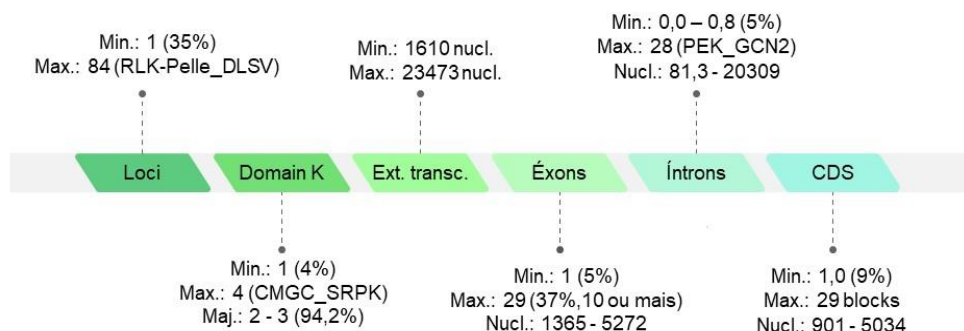
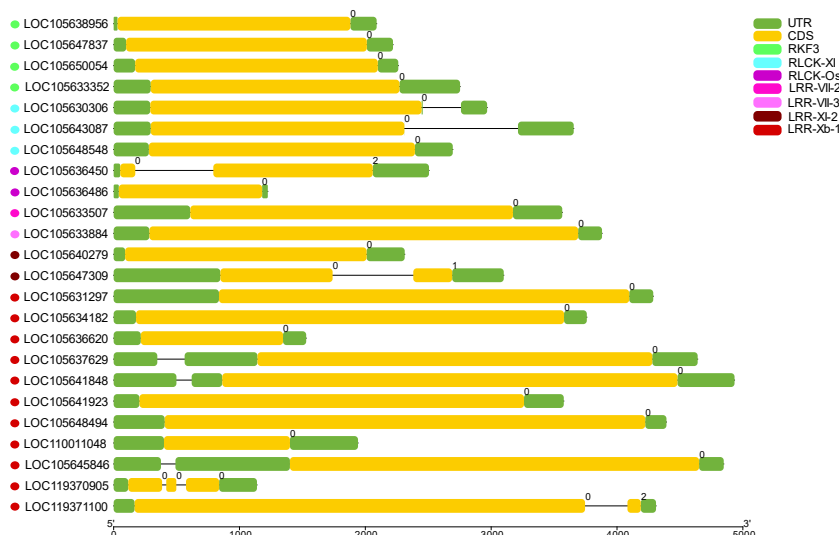


Fig. 4 Estrutura gênica de famílias *JcPK* com 0 a dois íntrons, apresentando genes únicos destacados por cores representando famílias de genes do grupo RLK-Pelle (famílias RKF3, RLCK-XI, RLCK-Os e subfamílias LRR VII-2, VII- 3, XI-2 e Xb-1). UTR (região não traduzida); CDS (região de codificação)



Características físico-químicos e previsão de localização subcelular de *JcPKs*

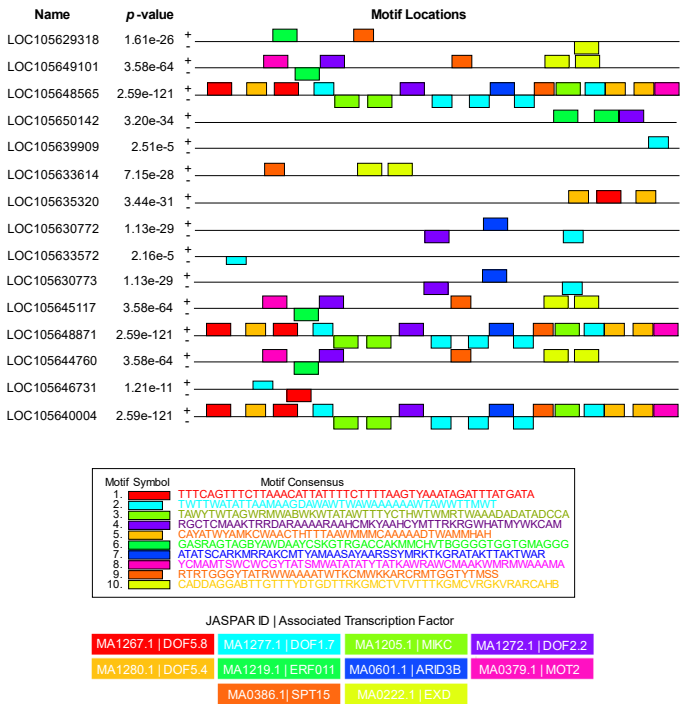
Conduzimos caracterização físico-química de proteínas e análises de localização subcelular nas 1.350 supostas *JcPKs*, revelando diversidade substancial, mesmo dentro da mesma família (**Recurso online 4**). As *JcPKs* exibiram uma ampla gama de características, incluindo contagens de aminoácidos variando de 86 a 1.677, valores de pI variando entre 4,04 e 9,99 e pesos moleculares (PM) variando de 20.750,23 a 187.768,26 Da. É importante notar que 32 *JcPKs* não possuíam dados de pI e MW em nossa análise. Ao considerar famílias/subfamílias *JcPK*, os membros AGC_RSK-2 exibiram variações significativas em tamanho, PM e valores de pI, com contagens de aminoácidos variando de 434 a 1.009, PM de 48.997,69 a 113.355,13 Da e valores de pI de 5,76 a 9,77. Em contraste, os membros CAMK_CAMKL-CHK1 apresentaram diferenças menores no tamanho da proteína (variando de 377 a 503 aminoácidos), peso molecular (variando de 42.133,13 a 56.663,77 Da) e valores de pI (variando de 6,01 a 9,56).

Em relação à localização subcelular das 1.350 *JcPKs*, nossa análise identificou sua presença em seis compartimentos celulares (**Recurso online 4**): membrana plasmática (563; 42%), núcleo (413; 31%), citoplasma (231; 17%), mitocôndria (71; 5%), cloroplasto (39; 3%) e compartimento extracelular (33; 2%). Notavelmente, a membrana plasmática também correspondeu a 61% das quinases semelhantes a receptores (RLKs) dentro do quinoma previsto.

Abundância e diversidade de elementos *cis*-reguladores em promotores do gene da proteína quinase de *J. curcas*

Em nossa análise, observamos uma abundância de elementos *cis*-reguladores (ECRs) dentro dos promotores dos genes *JcPK*, particularmente concentrados na família RLK-Pelle_LRR (**Fig. 5**). O número destes CREs variou de um a 17 motivos dentro de diferentes membros da família. Notavelmente, as famílias DOF e MIKC foram associadas aos ECRs que ocorrem com mais frequência nos promotores destes genes, mostrando altas contagens de motivos (**Fig. 5**). Em resumo, os promotores identificados dos genes *JcPK* foram enriquecidos com dez CREs, que podem estar ligados a membros da família TF, incluindo DOF, ARID3B, ERF011, EXD, MIKC, MOT2 e SPT15 (**Fig. 5**).

Fig. 5 Distribuição de elementos reguladores *cis* em potenciais regiões promotoras de genes codificadores de quinases do grupo RLK-Pelle (Família LRR - Receptor quinase de repetição rica em leucina) em *Jatropha curcas*



Análise ortológica revela relações evolutivas dos genes da proteína quinase de *J. curcas* entre espécies de plantas

Em uma análise genômica comparativa, exploramos genomas de várias espécies, incluindo aquelas da família Euphorbiaceae, para identificar genes ortólogos que codificam PKs. Observamos (**Fig. 6a**) a maior taxa de ortologia em *Hevea brasiliensis* com 78%, seguida por *M. esculenta* (77%) e *R. communis* (73%) dentro da mesma família. Fora da família, *P. trichocarpa* exibiu 70% de ortologia com genes *JcPK*, enquanto *A. thaliana* apresentou 51%. Um exame mais aprofundado da distribuição ortóloga entre as espécies estudadas é mostrado na **Figura 6b**, levando as seguintes descobertas principais: a) 399 ortólogos foram compartilhados entre todas as espécies; b) ortólogos compartilhados incluíram 149 compartilhados por *J. curcas* com as três espécies da família Euphorbiaceae e *P. trichocarpa*) cada espécie teve seu conjunto único de ortólogos compartilhados com *J. curcas*, sendo *H. brasiliensis* a de maior número (14). Essas descobertas fornecem informações valiosas sobre as relações entre os genes *JcPK* e estas espécies.

Fig. 8 Mapas de calor ilustrando a modulação da expressão de transcritos de RNA-Seq que codificam membros do grupo RLK nas raízes de acessos de *Jatropha curcas* após uma exposição de 3 horas a NaCl 150mM. (a - e) expressão dos transcritos (ou *GDE) de Jc171 após exposição ao sal (em comparação com o controle negativo) e contrastada com a expressão de transcritos correspondentes no perfil Jc183. As famílias PK dentro do grupo estão representadas em cinco mapas de calor. (f) transcrito (ou *DEG) de Jc183 após exposição ao sal (em comparação com o controle negativo) e contrastado com a expressão dos transcritos correspondentes no perfil Jc171. Níveis de expressão gênica: transcritos induzidos (valores positivos); transcrições reprimidas (valores negativos). *Genes diferencialmente expressos ($p\text{-value} \leq 0,05$, $q\text{-value} \leq 0,05$; $\text{Log2FC} \geq 1$ (regulação positiva, UR) ou ≤ -1 (regulação negativa, DR). FC: *Folding Change*).

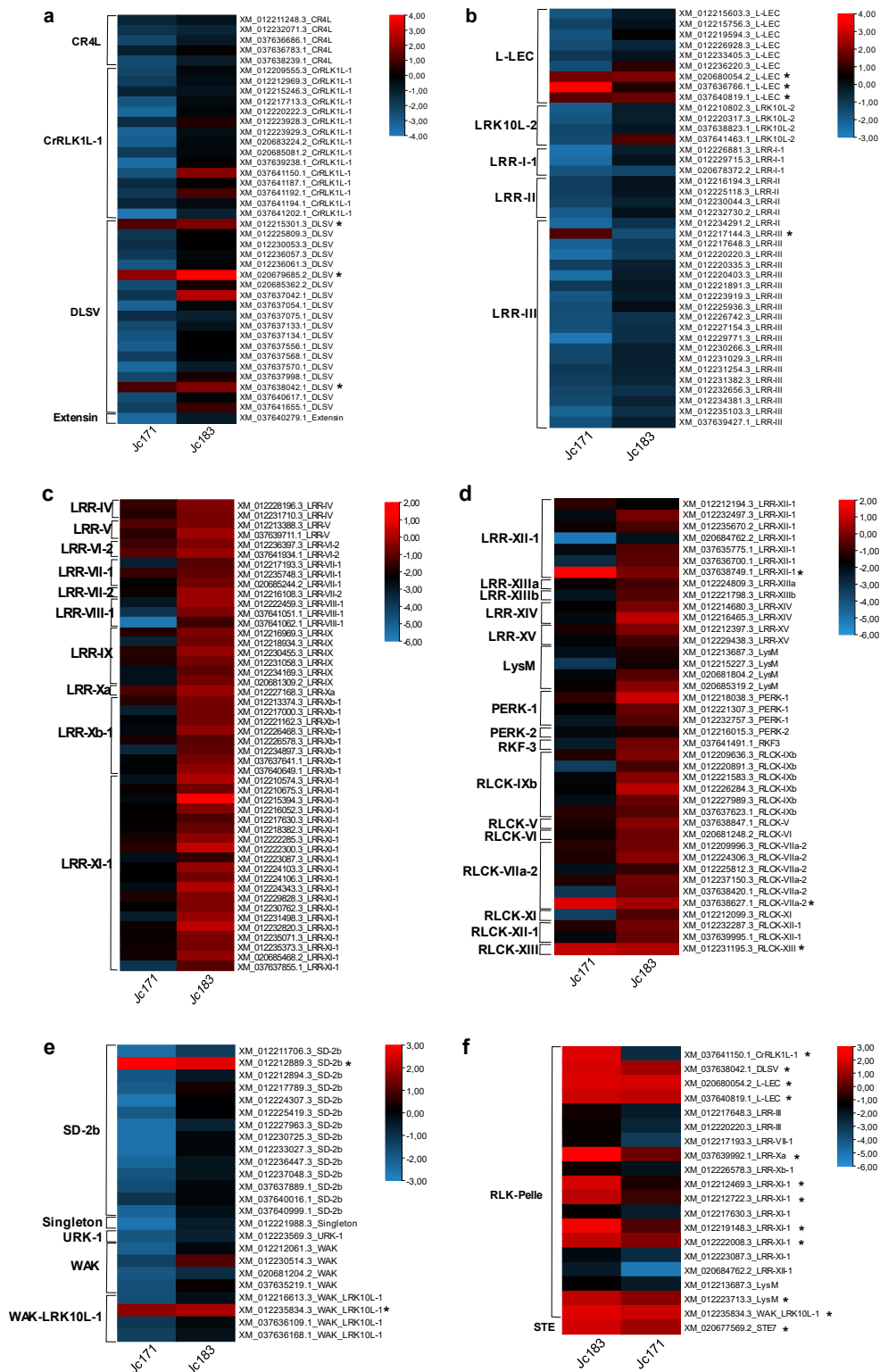
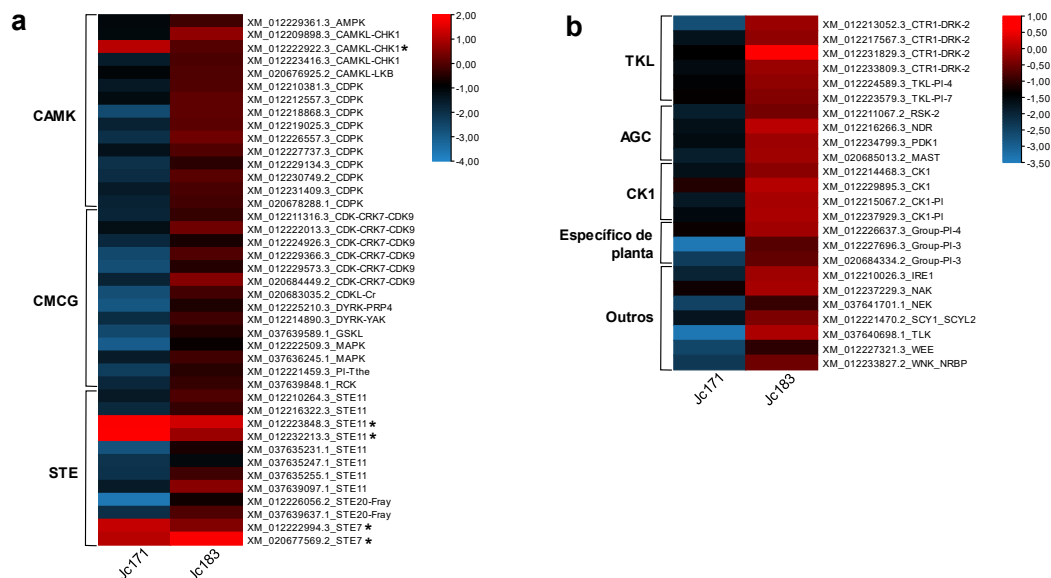


Fig. 9 Mapa de calor indicando a modulação da expressão de membros dos grupos PK identificados em raízes de *J. curcas* (Jc171), após exposição a estímulo salino (NaCl 150mM por 3h), em comparação ao controle negativo e contrapondo com a expressão do transcrito correspondente no acesso contrastante (Jc183). (a) CAMK, CMCG e STE. (b) TKL, AGC, CK1, Específico de planta, e outros. A expressão dos GDEs segue de acordo com a escala ao lado do gráfico, onde o valor ≥ 1 representa os induzidos e ≤ -1 os reprimidos. Os transcritos *upregulation* estão indicados por um asterisco (*).



Análise comparativa de ontologia genética (GO) revela respostas funcionais distintas e compartilhadas em acessos de *J. curcas* Jc171 e Jc183 após estímulo de sal

Todos os termos GO enriquecidos ($p\text{-value} \leq 0,01$) identificados nas respostas de Jc171 e Jc183, com base apenas nos respectivos GDEs (UR ou DR) de cada perfil de acesso e acesso, são apresentados na **Recurso online 6**. Uma análise usando diagramas de Venn comparando esses termos GO enriquecidos revela vários padrões dignos de nota (**Fig. 7b**):

- Termos compartilhados entre as respostas de ambos os acessos (UR e DR): um total de 37 termos, abrangendo atividades catalíticas e de quinase, ligação de pequenas moléculas e vários processos metabólicos e de modificação.
- Resposta DR Exclusiva do Jc171: um total de 59 termos exclusivos do Jc171, abrangendo vários aspectos biológicos, moleculares e celulares, incluindo ligação a proteínas, transdução de sinal, atividade do receptor de sinalização.
- Resposta UR exclusiva do Jc171: um total de 12 termos distintos, destacando respostas ao estresse salino, estresse osmótico e espécies reativas de oxigênio (ERO).
- Resposta DR exclusiva do Jc183: oito termos distintos destacando a regulação da resposta ao estresse, regulação positiva de processos celulares, resposta imune e regulação da resposta ao estímulo.
- Termos exclusivos nas respostas de DR de ambos os acessos: nove termos presentes exclusivamente nas respostas de DR de Jc171 e Jc183 concentram-se em respostas, sinalização e processos regulatórios, como resposta celular a estímulo endógeno, resposta celular a estímulo hormonal e mediada por hormônio via de sinalização.
- Termos comuns nas respostas do UR de ambas as adesões e no DR do Jc171: quatro termos compartilhados relacionados a processos metabólicos, processos metabólicos primários, processos metabólicos de substâncias orgânicas e ligação de carboidratos.
- Termos comuns nas respostas DR de ambos os acessos e na UR do Jc183: quatro termos compartilhados representando componentes da membrana celular.
- Termos comuns em ambas as respostas (UR e DR) do Jc171: sete termos exclusivos do Jc171, abrangendo processos celulares e comunicação.

Análise de enriquecimento de fator de transcrição revela redes regulatórias distintas em *J. curcas* acessos Jc171 e Jc183 após estímulo salino

Neste estudo, conduzimos uma análise de enriquecimento de FTs dos promotores de *JcPK* DEGs das respostas de cada acesso (UR ou DR). Esta análise forneceu informações valiosas sobre os FT específicos que regulam os genes PK em cada acesso, esclarecendo os mecanismos reguladores subjacentes. Assim, uma análise utilizando um diagrama de Venn (**Fig. 7c**) revelou associações distintas entre FTs enriquecidos:

- a) Associado exclusivamente ao perfil UR Jc171: quatro famílias de TFs (bZIP, ERF, HD-ZIP e HSF).
- b) Somente vinculado ao perfil DR Jc171: nove famílias de TFs (C2H2, FAR1, G2-like, GRAS, MIKC_MADS, Nin-like, TALE, TCP e WRKY).
- c) Associado aos perfis UR e DR Jc171: duas famílias de TFs (bHLH e Trihelix).
- d) Vinculados exclusivamente aos perfis UR de ambas as adesões: duas famílias de TFs (MYB e WOX).
- e) Associado aos perfis UR de ambos os acessos e ao perfil DR Jc171: uma família TF (NAC).
- f) Associado aos perfis DR de ambos os acessos e ao perfil UR Jc183: uma família TF (DOF).
- g) Vinculado ao perfil DR Jc171 e ao perfil UR Jc183: uma família TF (BBR-BPC).

Validação qPCR de padrões de expressão *in sílico* para candidatos a proteína quinase de *J. curcas* após estímulo salino

A análise de qPCR abrangeu 11 candidatos, dos quais sete eram regulados positivamente (UR) e quatro regulados negativamente (DR) entre os GDEs do perfil Jc171 após exposição ao sal. Esses candidatos representavam três grupos de PK (Proteína quinase): RLK (subfamílias CrRLK1L-1, DLSV, L-LEC), CAMK (subfamília CDPK) e STE (STE7, STE11). Em relação a esses alvos, os pares de primers propostos (**Recursos Online 7**) amplificaram *amplicons* com as amostras de cDNAs (**Recurso Online 8**).

Os pares de primers apresentaram valores aceitáveis para inclinação (S), coeficiente de correlação (R) e eficiência de amplificação (E) (**Recurso Online 9**). Os resultados de qPCR confirmaram a maioria dos dados de expressão observados *in sílico* (**Tabela 1**). Entre os sete candidatos UR de *JcPK*, cinco validaram a expressão induzida observada *in sílico*, enquanto entre os quatro candidatos DR, apenas um confirmou a expressão *in sílico*.

Tabela 1 Expressão gênica relativa de unigenes selecionados das acessões de *Jatropha curcas* L. após 3 horas de exposição ao NaCl (150mM), de acordo com os dados de qPCR analisados com o software REST2009. *Upregulated* (UR); *Downregulated* (DR)

Transcrito	Loci	Grupo/Família quinase	Reação de eficiência	Expressão	Erro padrão	95% C.I.	P(H1)	qPCR	In silico
XM_012229134.3	LOC105643896	CAMK_CDPK	1	1,258	0,222 - 3,476	0,136 - 96,891	0,766	n.s.	DR
XM_020678288.1	LOC105631620	CAMK_CDPK	1	2,697	0,932 - 8,921	0,373 - 18,725	0,024	UR	DR
XM_037641202.1	LOC119369084	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	0,9606	0,327	0,106 - 0,801	0,059 - 1,587	0,002	DR	DR
XM_037641192.1	LOC119371307	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	1	2,663	1,818 - 3,917	1,356 - 5,349	0	UR	DR
XM_012215301.3	LOC105632844	RLK-Pelle_DLSV	0,982	3,487	2,104 - 5,837	1,428 - 9,191	0	UR	UR
XM_037638042.1	LOC119370276	RLK-Pelle_DLSV	1	7,509	2,374 - 22,936	1,289 - 33,203	0	UR	UR
XM_020679685.2	LOC105635083	RLK-Pelle_DLSV	1	3,607	0,195 - 40,584	0,042 - 106,908	0,158	n.s.	UR
XM_037636766.1	LOC119369864	RLK-Pelle_L-LEC	1	0,626	0,018 - 4,431	0,011 - 7,289	0,64	n.s.	UR
XM_012232213.3	LOC105646365	STE_STE11	1	5,358	2,509 - 11,808	1,773 - 17,344	0	UR	UR
XM_012223848.3	LOC105639714	STE_STE11	0,9162	4,034	1,352 - 10,575	0,643 - 17,902	0,002	UR	UR
XM_012222994.3	LOC105639059	STE_STE7	1	5,203	3,170 - 8,475	2,051 - 14,368	0	UR	UR

P(H1) - Probabilidade da hipótese alternativa de que a diferença entre os grupos de amostra e controle ocorre apenas por acaso; CDPK (Proteína quinase dependente de cálcio); CrRLK1L-1 (*Catharanthus roseus* semelhante a RLK1); DLSV (Quinases com o domínio de função desconhecido 26 - DUF26); L-LEC (L-Lectina); STE (Homólogos dos genes STE da levedura)

DISCUSSÃO

Insights sobre o provável quinoma de J. curcas

Explorando o quinoma de proteínas de *J. curcas*: insights a partir de genômica comparativa e a dominância da família RLK-Pelle_LRR nas respostas ao estresse

Nosso estudo representa um esforço pioneiro para explorar os genes PK expressos em *J. curcas* em resposta à salinidade. Essa pesquisa é particularmente significativa após a recente publicação do genoma de *J. curcas* (Jalali et al. 2020), o que possibilitou uma análise mais precisa, alinhando nossos dados de transcriptoma com as informações genômicas. Nossa investigação identificou um total de 1.350 PKs candidatos codificados por 872 genes únicos no genoma de *J. curcas*, compreendendo aproximadamente 2,9% dos genes codificadores de proteínas da espécie (872 de um total de 29.586 genes). Esses achados são consistentes com estudos semelhantes em outras espécies vegetais, incluindo morango, *Fragaria vesca* (2,8%; Liu et al. 2020a); abacaxi, *Ananas comosus* (2,8%; Zhu et al. 2018b) e nojeira-pecã, *Carya illinoensis* (3,1% de PKs; Zhu et al. 2021), mas menores do que em *A. thaliana* (3,4%; Zulawski et al. 2014); videira, *Vitis vinifera* (3,7% de PKs; Zhu et al. 2018a) e caupi, *Vigna unguiculata* (4,0% de PKs; Ferreira-Neto et al. 2021). No entanto, essas comparações destacam a natureza conservada dos genes PKs em várias espécies vegetais, enfatizando seu papel crucial em numerosos processos biológicos.

Em nosso estudo de genômica comparativa de genes PK, observamos que todas as cinco espécies examinadas compartilhavam genes ortólogos com *J. curcas*, com taxas de ortologia variando de 51% (*A. thaliana*) a 78% (*H. brasiliensis*). Consequentemente, nossos resultados apoiam a ideia de que o nível de ortologia é influenciado pela distância evolutiva entre as espécies, conforme discutido por Lu et al. (2009). Espécies pertencentes à mesma família botânica que *J. curcas* exibiram taxas mais altas de genes ortólogos, destacando ainda mais o papel do parentesco evolutivo. Notavelmente, quatro das espécies mantiveram uma taxa consistente de ortologia em torno de 70%, ressaltando a forte conservação dos genes PKs em plantas, o que é fundamental para o desenvolvimento celular e a sinalização. Essa conservação enfatiza o papel vital da transdução de sinais mediada por fosforilação em plantas que suportam condições ambientais desfavoráveis, como enfatizado por Hsu et al. (2018).

No quinoma proposto de *J. curcas*, o grupo RLK-Pelle se destaca, representando 65% do quinoma em termos de quantidade e diversidade de famílias de PKs. Descobertas de pesquisa consistentemente destacam o grupo RLK como o mais abundante em várias espécies de plantas, com porcentagens que se assemelham de perto às observadas em *J. curcas*. Por exemplo, no abacaxi, o quinoma é principalmente composto por RLKs, representando aproximadamente 63% (Zhu et al. 2018b), e essa tendência também é evidente em outras plantas, como *Arabidopsis* (60%; Zulawski et al. 2014) e soja (66%; Liu et al. 2015). No caso do morango, os RLKs compõem 67% dos genes PK totais (Liu et al. 2020), o que espelha de perto os resultados de nosso estudo. Essa expansão substancial do grupo sugere seu papel crucial em processos fundamentais, como crescimento, desenvolvimento e resposta à defesa da planta (Yan et al. 2018).

Dentro do grupo RLK-Pelle, a família LRR desempenha um papel vital no crescimento e sobrevivência das plantas em condições desafiadoras, explicando sua expansão significativa e importância (Wu et al. 2009; Ou et al. 2016). Por exemplo, no algodão, a família LRR se destaca como a mais significativa dentro do grupo RLK em quatro espécies de *Gossypium*, formando um cluster de 23 subfamílias. Um padrão de agrupamento semelhante é observado no quinoma de *J. curcas*, onde a família LRR é a mais proeminente entre os RLKs. Os membros da família RLK-Pelle_LRR desempenham um papel crucial na resposta das plantas ao estresse abiótico. Em experimentos com plantas transgênicas de *Arabidopsis* e arroz, a superexpressão de membros dessa família, como os genes *PdERECTA* (Xing et al. 2011) ou *OsSIK1* (Ouyang et al. 2010), melhorou a tolerância ao estresse abiótico, como a seca e a salinidade. Além disso, também foi associada a ativação de sistemas antioxidantes, aumentando as atividades de enzimas como peroxidase, superóxido dismutase e catalase (Ouyang et al. 2010).

Panorama das proteínas quinases de *J. curcas*: variabilidade de íntrons, composições de domínios e insights sobre a localização subcelular

Ao examinar a distribuição de íntrons nos genes *JcPK*, aproximadamente 5% das famílias/subfamílias não possuem íntrons, enquanto 95% das famílias/subfamílias de *JcPK* contêm entre 1 e 28 íntrons, exibindo considerável variação entre as famílias/subfamílias e até mesmo entre os membros da mesma família/subfamília. Cerca de 29% das famílias/subfamílias de *JcPK* têm uma média de 10 ou mais íntrons. Números semelhantes de íntrons foram observados no quinoma da nojeira-pecã (Zhu et al. 2021). Variações de íntrons desempenharam um papel significativo na recombinação genômica, contribuindo para rearranjos genéticos e evolução (Fedorova e Fedorov,

2003). O maior número de íntrons (26 e 28) foi observado nos genes das famílias/subfamílias RLK-Pelle_LRR-XIIIb e PEK_GCN2, respectivamente, sugere que a diversidade de introns contribuiu para a diversidade estrutural e funcional dos genes e proteínas *JcPK*.

Consequentemente, a compreensão da estrutura de proteínas, função e relações evolutivas depende significativamente dos domínios de proteínas (Vogel et al. 2004). No quinoma de *J. curcas*, quase 94% das famílias/subfamílias de PK exibem múltiplos domínios, geralmente 2-3 domínios. No grupo RLK-Pelle_LRR, a maioria dos membros possui dois domínios quinase (95%), indicando uma história evolutiva compartilhada, como sugerido por Zhu e colegas (2021). Geralmente, as composições de domínios conservados permanecem consistentes dentro da mesma família/subfamília de *JcPK*.

Quanto à localização subcelular das *JcPKs*, mais de 61% das RLKs (representando 65% do quinoma proposto de *J. curcas*) são encontradas na membrana celular, indicando seu envolvimento na percepção de estímulos extracelulares (Osakabe et al. 2013). Os outros grupos de quinases exibem diversas localizações subcelulares. Por exemplo, aproximadamente 72% dos membros do grupo AGC são previstos no núcleo celular, enquanto cerca de 62% dos membros do grupo CAMK estão localizados no citoplasma, destacando a distribuição variada das *JcPKs* em compartimentos celulares. Os dados sobre a localização subcelular das *JcPKs* são consistentes com as previstas para as quinases da nogueira-pecã (Zhu et al. 2021).

Em relação ao tamanho das proteínas e propriedades bioquímicas, a maioria das famílias/subfamílias de *JcPKs* mostrou variações mínimas. Cerca de 20% das famílias apresentaram diferenças significativas em termos de número de aminoácidos, massa molecular e ponto isoelétrico. Estudos relataram tanto a conservação de características intrafamiliares, com pouca divergência entre os membros da família/subfamília (Zhu et al. 2018a), quanto características divergentes, como observado no quinoma do caupi (Ferreira-Neto et al. 2021).

Fatores de Transcrição e seus papéis cruciais na regulação dos genes quinases de proteínas de *J. curcas* após estímulo de salinidade

Os fatores de transcrição desempenham um papel fundamental na complexa orquestração da expressão gênica, ligando-se aos elementos reguladores de ECRs dentro dos promotores de genes (Wang et al. 2017). Em nosso estudo, investigamos a presença e a disposição de ECRs nos potenciais promotores de genes *JcPK* e, embora tenhamos observado variações entre famílias/subfamílias de genes, eles se associaram principalmente a TFs das famílias Dof, MIKC_MADS e ERF. Pesquisas anteriores de nosso grupo também destacaram essas famílias de TF como proeminentemente reguladas positivamente nas raízes de *J. curcas* após 3 horas de exposição à salinidade (De Lima Cabral et al. 2020). Portanto, sob estresse abiótico, a regulação positiva dessas TFs também contribui para a regulação positiva de alguns genes PK. Essas descobertas destacam os diversos papéis desempenhados por essas famílias de TF nas respostas das plantas ao estresse abiótico em várias espécies vegetais, como mencionado a seguir:

a) FTs da Família Dof: esses FTs, exclusivos de plantas, se destacam na resposta ao estresse abiótico, especialmente o estresse osmótico. Em *Populus trichocarpa*, sete genes Dof foram regulados positivamente em resposta ao estresse osmótico (Wang et al. 2017). A superexpressão de Dof1 em plantas transgênicas de algodão (*Gossypium hirsutum*) aumentou a tolerância à salinidade e baixas temperaturas (Su et al. 2017). Em tomate transgênico (*Solanum lycopersicum*), CDF3, um fator Dof, melhorou a fotossíntese e regulou positivamente genes responsivos ao estresse (Renau-Morata et al. 2017). Outro estudo descobriu que o fator Dof (SlDof22) interagiu com a via SOS responsiva ao sal (Cai et al. 2016).

b) FTs da Classe MADS-Box: esses FTs são induzidas por vários estresses abióticos. Elas são significativamente reguladas positivamente em resposta à seca e salinidade na alfafa (*Medicago sativa*), indicando seu papel nas respostas ao estresse abiótico (Dong et al. 2021). Plantas transgênicas de Arabidopsis e arroz mostraram aumento na expressão de genes MADS em resposta ao estresse osmótico e salino. No entanto, a superexpressão do gene SiMADS51 em plantas transgênicas reduziu a tolerância à seca, sugerindo seu papel como regulador negativo da expressão gênica relacionada ao estresse abiótico (Zhao et al. 2021).

c) FTs da Família ERF: esses FTs no milho (*Zea mays*) são expressos em vários tecidos e regulam crucialmente genes responsivos ao estresse de seca e salinidade (Hao et al. 2020). Em batata-doce, os genes ERF exibem aumento na expressão durante o desenvolvimento das raízes, implicando seu papel nesse processo. Alguns genes ERF específicos também respondem a estresses abióticos, especialmente seca e salinidade (He et al. 2021).

Respostas das plantas ao estresse abiótico: perspectivas sobre os mecanismos de tolerância ao sal e o papel das proteínas quinases e fatores de transcrição em *Jatropha curcas*

As plantas desenvolveram mecanismos para se adaptar a desafios ambientais. Esses mecanismos são multifacetados, envolvendo várias vias de sinalização e a ativação de genes específicos (Qin et al. 2014). Eles englobam processos inerentes (constitutivos) e processos acionados por estímulos (induzíveis) (Veluthakkal e Dasgupta, 2010). Uma modificação pós-traducional crítica nesse contexto é a fosforilação de proteínas, facilitada por quinases de proteínas (PKs), que desempenham um papel vital na coordenação de várias funções celulares (Silva et al. 2009).

Fatores ambientais, como seca e salinidade, perturbam a fotossíntese, aumentam a fotorrespiração, induzem estresse osmótico e elevam a produção de ERO (espécies reativas de oxigênio). Essas moléculas de ERO são essenciais para a aclimação das plantas ao estresse ambiental, pois são percebidas e atuam como sinais em diversas redes de sinalização envolvidas na aclimação das plantas, incluindo a fosforilação de proteínas. Apesar de serem consideradas prejudiciais em excesso para a célula, as ERO desempenham um papel crucial na transdução de sinais (Miller et al. 2010).

Nosso estudo explora como dois diferentes acessos de *J. curcas* respondem após uma exposição de 3 horas a 150mM de NaCl. A pesquisa se concentra principalmente nos genes *JcPKs* e seus padrões de expressão. Essa investigação tem como objetivo comparar a resposta molecular inicial dos acessos à salinidade, considerando que a tolerância ao sal depende do genótipo, conforme constatado por Corte-Real et al. (2019) e De Souza et al. (2020).

A análise de RNA-Seq, abrangendo candidatos PKs, revelou que a Jc171, a acesso menos tolerante ao sal, apresentou um número maior de genes diferencialmente expressos (17 genes induzidos e 240 genes reprimidos) em comparação com a Jc183, que é mais tolerante ao sal (12 genes induzidos e 8 genes reprimidos). Notavelmente, um número significativo de genes que codificam membros da família RLK-Pelle, o grupo mais proeminente dentro do quinoma, foi encontrado como regulado para baixo no perfil de resposta ao sal de Jc171, semelhante às descobertas em videira (Zhu et al. 2018a). Como centenas de RLK/Pelles são esperadas para serem reguladas positivamente em resposta a estresses bióticos, e muitos outros genes RLK-Pelle podem desempenhar papéis também em respostas ao estresse abiótico, é possível que muitos outros associados ao desenvolvimento da planta sejam regulados para baixo devido à necessidade de alocação de recursos durante o estresse, como sugerido por Lehti-Shiu et al. (2009). Consequentemente, Jc171 parece priorizar outros genes enquanto suprime essas PKs, principalmente relacionadas ao crescimento e desenvolvimento, como indicado pelos termos enriquecidos em GO (Gene Ontology). No entanto, no perfil de resposta ao sal induzido por Jc171, 12 dos 17 genes diferencialmente expressos foram exclusivamente regulados por este acesso. Esses genes pertencem aos grupos RLK, STE e CAMK. Quinases RLK são consideradas o maior grupo de genes em plantas, desempenhando um papel fundamental na regulação de várias vias de sinalização e respostas a estímulos externos (Ye et al. 2016). No que diz respeito aos grupos STE (homólogos dos genes STE de leveduras) e CAMK (quinases dependentes de calmodulina), a maioria dos membros foi predominantemente regulada para baixo, e sua repressão pode reforçar a menor tolerância ao sal de Jc171. Para ilustrar sua importância, genes STE aumentaram sua expressão em pecan em resposta ao déficit hídrico (Zhu et al. 2021), enquanto em trigo, o estímulo salino aumentou a expressão de genes CAMK tanto no caule quanto na raiz, especificamente no caule da variedade sensível ao sal e na raiz da variante tolerante ao sal. Quando cálcio foi adicionado ao tratamento, observou-se um aumento na expressão de CAMK no caule e na raiz da variedade tolerante ao sal e na raiz da variedade sensível ao sal (Lu, Wang, Yang 2021).

Além disso, dentro do perfil de resposta ao sal de Jc171, várias quinases do grupo RLK foram identificadas, incluindo quinases das famílias LRR (Repetição rica em leucina), DLSV (quinases com o domínio de função desconhecida 26 - DUF26), L-LEC (L-Lectina) e RLCK (Quinase citoplasmática semelhante a receptor). Uma quinase tipo LRR de *Medicago truncatula* desempenha um papel na detecção de alta salinidade e na iniciação de uma via de sinalização protetora para mitigar o acúmulo de íons tóxicos nos tecidos das plantas (De Lorenzo et al. 2009). Quanto ao papel dos membros da família DLSV em resposta às condições ambientais, permanece indefinido, mas uma pesquisa recente em caupi identificou candidatos DLSV expressos após a desidratação das raízes, com essa família sendo a mais abundante no quinoma da espécie (Ferreira-Neto et al. 2021). Portanto, tais candidatos são promissores para pesquisa adicional visando obter uma compreensão mais profunda de seu envolvimento nas respostas ao estresse nas plantas e para desvendar as complexidades das vias de sinalização das plantas. No que diz respeito às quinases RLCK, elas podem ter se originado de quinases citoplasmáticas ancestrais ou evoluído a partir de quinases RLKs por meio da perda do domínio de transmembrana. Em arroz, os membros RLCK desempenham papéis diversos em funções biológicas, incluindo desenvolvimento reprodutivo e respostas a estresses abióticos (Vij et al. 2008). Além disso, as RLCKs desempenham um papel crucial na ligação dos receptores de reconhecimento de padrões (PRRs) com cascatas de quinases ativadas por mitógeno (MAPK), promovendo assim a imunidade das plantas (Ma et al. 2017).

Em contraste com o acesso Jc171, a Jc183, com características de tolerância ao sal (De Souza et al. 2020), apresentou menos modulação da expressão gênica (12 genes para cima e 8 genes para baixo) mesmo sob exposição a

150mM de NaCl. Em ensaios anteriores, esse acesso foi observado reduzindo o acúmulo de íons de sódio nas folhas e protegendo o metabolismo enzimático, como sugerido por Corte-Real e colaboradores (2019). No perfil de resposta ao sal de Jc183, seis dos genes diferencialmente expressos foram induzidos apenas por este genótipo, e todos eles pertenciam ao grupo RLK-Pelle. Para ilustrar a importância dos genes RLK, plantas transgênicas de *Arabidopsis* que superexpressaram o gene *NtRLK5* (*Nicotiana tabacum*) mostraram maior tolerância à seca e induziram genes associados à eliminação de ERO, minimizando assim os danos celulares (Xu et al. 2018).

Além disso, Jc183 apresentou uma expressão positiva significativa de duas famílias/subfamílias de RLK-Pelle: LysM (contendo o domínio LysM) e CrRLK1L-1 (similar a RLK1 de *Catharanthus roseus*). Curiosamente, os membros desses grupos foram reprimidos no perfil de resposta ao sal de Jc171. Membros de RLK-Pelle_LysM são essenciais para o desenvolvimento e defesa de plantas, com sua expressão no trigo variando em diferentes estágios de crescimento e em resposta a vários estresses (Shumayla et al. 2021). A quinase CrRLK1L-1, por sua vez, está associada à manutenção da integridade da parede celular da planta e à detecção de distúrbios na parede celular (Lindner et al. 2012). No desenvolvimento normal da planta, a família CrRLK1L provavelmente regula a integridade da parede celular e media respostas em diversas vias de sinalização (Gish e Clark 2011). Em condições adversas, como as descritas, a CrRLK1L pode reconhecer ligantes de carboidratos produzidos em resposta a sinais ambientais, mecânicos e bióticos (Boisson-Dernier, Kessler, Grossniklaus 2011).

Com base na caracterização da ontologia gênica (GO), os genes diferencialmente expressos induzidos (UR GDEs) de Jc171 estavam associados a vários termos enriquecidos relacionados à resposta ao estresse abiótico, como resposta ao estresse de sal, estresse osmótico e resposta a ERO, sugerindo uma tentativa de Jc171 se adaptar e proteger seu metabolismo. Vale ressaltar que esses termos foram exclusivos deste perfil de expressão. Estudos recentes enfatizaram o papel das proteínas quinases como reguladores positivos na indução de genes responsivos ao estresse abiótico (Rehman et al. 2020; Pan et al. 2020). Por outro lado, termos GO enriquecidos associados à reprodução, polinização e crescimento foram relacionados aos genes diferencialmente expressos reprimidos (DR GDEs), indicando a estratégia de Jc171 de priorizar a expressão de genes que auxiliam a planta a lidar com o estresse, enquanto reprime genes relacionados aos processos de desenvolvimento da planta. Essa abordagem pode servir como uma estratégia de sobrevivência para o acesso Jc171, que é menos tolerante ao sal. Esse padrão de expressão gênica mencionado não foi observado em Jc183. Além disso, Jc183 demonstrou maior tolerância ao sal em comparação com Jc171 (De Souza et al. 2020), com os UR GDEs destacando termos enriquecidos relacionados a processos metabólicos normais de plantas, enquanto os DR GDEs destacaram termos enriquecidos relacionados a processos biológicos ligados a respostas ao estresse, sugerindo um possível gargalo genético.

No contexto dos fatores de transcrição (FTs) que regulam a expressão de genes de quinases de proteínas, várias famílias de FTs, incluindo bZIP, ERF, HD-ZIP, HSF, MYB e WOX, foram exclusivamente enriquecidas com base nos promotores dos UR GDEs no perfil de resposta ao sal de Jc171. Estudos atuais enfatizam os papéis desses FTs na concessão de tolerância ao estresse abiótico. Por exemplo, a família bZIP tem sido associada à tolerância ao estresse abiótico em culturas como soja (*Glycine max*; He et al. 2020; Yang et al. 2020) e pimentão (*Capsicum annuum*; Gai et al. 2020). Em raízes de plântulas de trigo (*Triticum aestivum*) expostas à salinidade, a expressão de TabZIP15 atingiu o pico 1 hora após o tratamento, levando à redução dos níveis de malondialdeído (MDA) e ao aumento da massa fresca e comprimento das raízes (Bi et al. 2021). Certos FTs ERF ativam genes responsivos ao estresse, principalmente em folhas de tomate silvestre (*Solanum pennellii*) em condições de seca, reduzindo o estresse oxidativo e os níveis de MDA em comparação com o tomate cultivado (*S. lycopersicum*) (Egea et al. 2018). Alguns fatores HD-ZIP, como observado em *Eucalyptus grandis*, respondem a estímulos salinos e de temperatura (Zhang et al. 2020a). Além disso, o MdHB-7, um fator HD-Zip I, contribui significativamente para a tolerância à seca em maçã transgênica (*Malus domestica*) sob condições de ABA e seca (Zhao et al. 2020). Por sua vez, os fatores de transcrição do estresse de calor (HSFs) respondem a vários estresses ambientais, como relatado em noqueira (*Juglans regia*; Liu et al. 2020) e *Camellia sinensis* (Zhang et al. 2020), melhorando a tolerância a altas temperaturas, seca e salinidade. Além disso, os FTs MYB desempenham papéis cruciais no crescimento, desenvolvimento, metabolismo, morfologia e respostas ao estresse das plantas (Cao et al. 2020). Por exemplo, o AtMYB49, quando superexpresso em *Arabidopsis* transgênica, aumenta o teor de água, reduz os níveis de ERO e protege as membranas celulares durante a exposição à salinidade (Zhang et al. 2020c). Por outro lado, o fator de transcrição homeobox relacionado a WUSCHEL SIWOX, em tomate (*S. lycopersicum*), responde significativamente ao frio, à seca e à salinidade, sugerindo um papel como mediador nas respostas a estresses ambientais (Li et al. 2021).

Dado que esses fatores de transcrição podem aumentar a expressão de genes responsivos ao estresse, como discutido anteriormente, eles representam candidatos promissores como transgenes. Isso é ainda mais enfatizado pelo fato de que eles também aumentariam a expressão de genes de PK (proteína quinase), melhorando assim várias vias de sinalização de estresse ambiental.

CONCLUSÃO

Este estudo explora o quinoma de *J. curcas*, lançando luz sobre diversos aspectos das famílias de JcPK, incluindo diversidade, classificação, estruturas de genes, elementos regulatórios e fatores de transcrição. Ele também inclui uma análise de RNA-Seq de duas acessos de *J. curcas* (Jc183 e Jc171) expostos ao NaCl (150mM/3h). O quinoma proposto é composto por 1.350 PKs candidatos codificados por 872 genes JcPK, representando cerca de 2,9% dos genes codificadores de proteínas da espécie. Notavelmente, o grupo RLK-Pelle constitui uma parte significativa do quinoma. As famílias/subfamílias de JcPKs exibem considerável diversidade estrutural e variação físico-química. A inferência de ortologia revela genes compartilhados com outras espécies de plantas, com maior conservação em espécies intimamente relacionadas. Elementos *cis*-regulatórios nos promotores de genes PK estão associados a famílias específicas de fatores de transcrição, como Dof e ERF, que poderiam potencialmente regular esses genes. Esses FTs servem como candidatos promissores para transgenes que visam aprimorar a expressão de genes PK, melhorando assim as vias de sinalização de estresse e genes responsivos ao estresse. Os dois acessos de *J. curcas*, Jc183 e Jc171, adotam estratégias diferentes em resposta ao estresse salino, com Jc171 mostrando uma expressão predominantemente reprimida dos genes PK. A validação experimental por meio de qPCR confirma a expressão de candidatos JcPK selecionados. Identificar reguladores-chave na sinalização de estresse é crucial para o desenvolvimento de culturas resistentes. Este estudo fornece uma base sólida para pesquisas futuras sobre os papéis das várias famílias/subfamílias de JcPK na adaptação das plantas a estresses abióticos ou condições ambientais em constante mudança.

Agradecimentos

Os autores agradecem ao Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq), Coordenação de aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior - Brasil (CAPES), Universidade Federal de Alagoas (UFAL), e Universidade Federal de Pernambuco (UFPE) por nos fornecer o financiamento e a infraestrutura necessária.

Contribuições dos autores

LE e EAK conceberam e projetaram o estudo. RHS, MDS, LE e EAK realizaram o experimento. FNA e WJSJ realizaram as análises bioinformáticas. FNA, RHS, EJSO e MDS prepararam as amostras e realizaram os ensaios de qPCR. LE e EAK revisaram o manuscrito. Todos os autores leram e aprovaram o manuscrito final.

Financiamento

Este trabalho foi apoiado (por meio de bolsas e financiamentos) pelas seguintes agências brasileiras: Conselho Nacional de Desenvolvimento Científico e Tecnológico (CNPq 404357/2013-0; CNPq 311894/2017-8), Fundação de Amparo à Ciência e Tecnologia do Estado de Pernambuco (FACEPE; IBPG-0271-5.01/14), Coordenação de Aperfeiçoamento de Pessoal de Nível Superior (CAPES) e Universidade Federal de Pernambuco (UFPE/PROPG).

Disponibilidade de Dados e Materiais

Todos os dados gerados ou analisados durante este estudo estão incluídos neste artigo publicado.

Declarações Conflito de Interesses

Os autores declaram não possuir conflitos de interesses.

REFERÊNCIAS

- Alves JMA et al (2008) Pinhão-mansão: uma alternativa para produção de biodiesel na agricultura familiar da Amazônia brasileira. *Revista Agro@mbiente on-line*, v. 2, n. 1, p. 57-68, 2008.
- Bailey TL, Johnson J, Grant CE, Noble WS (2015) The MEME suite. *Nucleic Acids Res* 43:W39-W49. <https://doi.org/10.1093/nar/gkv416>
- Bi C, Yu Y, Dong C, et al (2021) The bZIP transcription factor TabZIP15 improves salt stress tolerance in wheat. *Plant Biotechnol J* 19:209. <https://doi.org/10.1111/pbi.13453>
- Boisson-Dernier A, Kessler SA, Grossniklaus, U (2011) The walls have ears: the role of plant CrRLK1Ls in sensing and transducing extracellular signals. *J Exp Bot* 62:1581-1591. <https://doi.org/10.1093/jxb/erq445>
- Cai X, Zhang C, Shu W, Ye Z, Li H, Zhang Y (2016). The transcription factor SlDof22 involved in ascorbate accumulation and salinity stress in tomato. *Biochem Bioph Res Co* 474:736-741. <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2016.04.148>

- Cao Y, Li K, Zhao X, Wang L (2020) MYB transcription factors as regulators of secondary metabolism in plants. *Biology* 9(3):61. <https://doi.org/10.3390/biology9030061>
- Chen C, Chen H, Zhang Y, Thomas HR, Frank MH, He Y, Xia, R (2020) TBtools: an integrative toolkit developed for interactive analyses of big biological data. *Mol Plant* 13(8):1194-1202, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2020.06.009>
- Corte-Real NC, Endres L, De Souza ER, Pompelli MF (2019). Tolerance to salinity in *Jatropha curcas* are genotype-dependent. *Braz J Dev* 5(10):22169-22199. <https://doi.org/10.34117/bjdv5n10-347>
- Corte-Real N, Oliveira MS, Jarma-Orozco A et al (2020) Comparative analysis of salt-induced changes in the leaves proteome of two contrasting *Jatropha curcas* genotypes. *Braz J Dev* 6(6):39845-39872. <https://doi.org/10.34117/bjdv6n6-503>
- De Lima Cabral GAL, Binneck E, De Souza MCP (2020) First expressed TFome of physic nut (*Jatropha curcas* L.) after salt stimulus. *Plant Mol Biol Rep* 38:189-208. <https://doi.org/10.1007/s11105-019-01187-w>
- De Lorenzo L, Merchan F, Laporte P, Thompson R, Clarke J, Sousa C, Crespi M (2009). A novel plant leucine-rich repeat receptor kinase regulates the response of *Medicago truncatula* roots to salt stress. *Plant Cell* 21(2):668-680. <https://doi.org/10.1105/tpc.108.059576>
- De Souza MCP, Da Silva MD, Binneck E et al (2020) RNA-Seq transcriptome analysis of *Jatropha curcas* L. accessions after salt stimulus and unigene-derived microsatellite mining. *Ind Crops Prod* 147:112168. <https://doi.org/10.1016/j.indcrop.2020.112168>
- Dong X, Deng H, Ma W, Zhou Q, Liu Z (2021) Genome-wide identification of the MADS-box transcription factor family in autotetraploid cultivated alfalfa (*Medicago sativa* L.) and expression analysis under abiotic stress. *BMC Genom* 22(1):1-16. <https://doi.org/10.1186/s12864-021-07911-9>
- Egea I, Albaladejo I, Meco V, Morales B, Sevilla A, Bolarin MC, Flores FB (2018) The drought-tolerant *Solanum pennellii* regulates leaf water loss and induces genes involved in amino acid and ethylene/jasmonate metabolism under dehydration. *Sci Rep* 8(1):1-14. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-21187-2>
- Fedorova L, Fedorov A (2003) Introns in gene evolution. **Origin and evolution of new gene functions**, p. 123-131, 2003.
- Ferreira OJM, Holanda FSR, Pedrotti A, Vidal Santos LD, Silva-Mann R (2022) Root System of *Jatropha curcas* Provides Resistance and Strength to the Soil. *Commun Soil Sci Plant Anal* 53(22):2955-2967. <https://doi.org/10.1080/00103624.2022.2099554>
- Ferreira-Neto JRC, Borges ANC, Da Silva MD et al (2021) The cowpea kinome: Genomic and transcriptomic analysis under biotic and abiotic stresses. **Frontiers in Plant Science**, p. 945, <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.667013>
- Francis G, Edinger R, Becker K. (2005) A concept for simultaneous wasteland reclamation, fuel production, and socio-economic development in degraded areas in India: Need, potential and perspectives of *Jatropha* plantations. In: *Natural resources forum* 29(1), Oxford, UK: Blackwell Publishing Ltd, pp 12-24. <https://doi.org/10.1111/j.1477-8947.2005.00109>
- Gai WX, Ma X, Qiao YM (2020) Characterization of the bZIP transcription factor family in pepper (*Capsicum annuum* L.): CabZIP25 positively modulates the salt tolerance. *Front plant Sci*, v. 11, p. 139, 2020. <https://doi.org/10.3389/fpls.2020.00139>
- Hao L, Shi S, Guo H, Li M (2020) Genome-wide identification and expression profiles of ERF subfamily transcription factors in *Zea mays*. *PeerJ* (8):e9551. <https://doi.org/10.7717/peerj.9551>
- He Q, Cai H, Bai M (2020) A soybean bZIP transcription factor GmbZIP19 confers multiple biotic and abiotic stress responses in plant. *Int J of Mol Sci* 21(13):4701. <https://doi.org/10.3390/ijms21134701>
- He S, Hao X, He S, Hao X, Zhang P, Chen X (2021). Genome-wide identification, phylogeny and expression analysis of AP2/ERF transcription factors family in sweet potato. *BMC Genom* 22(1):1-20. <https://doi.org/10.3390/ijms21134701>

- Hiller K, Grote A, Maneck M, Münch R, Jahn D (2006) JVirGel 2.0: computational prediction of proteomes separated via two-dimensional gel electrophoresis under consideration of membrane and secreted proteins. *Bioinform* 22(19):2441-2443. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btl409>
- Hsu CC, Zhu Y, Arrington JV et al (2018) Universal plant phosphoproteomics workflow and its application to tomato signaling in response to cold stress. *MCP* 17(10):2068-2080. <https://doi.org/10.1074/mcp.TIR118.000702>
- Jalali S, Kancharl N, Yepuri V, Arockiasamy S (2020) Exploitation of Hi-C sequencing for improvement of genome assembly and in-vitro validation of differentially expressing genes in *Jatropha curcas* L. *3 Biotech* 10(3):1-9. <https://doi.org/10.1007/s13205-020-2082-0>
- Jin J, Tian F, Yang DC, Meng YQ, Kong L, Luo J, Gao G (2016). PlantTFDB 4.0: toward a central hub for transcription factors and regulatory interactions in plants. *NAR* D1040–D1045. <https://doi.org/10.1093/nar/gkw982>
- Jonak C, Ökrész L, Bögre L, Hirt H (2002) Complexity, cross talk and integration of plant MAP kinase signalling. *Curr Opin Plant Biol* 5(5):415-424. [https://doi.org/10.1016/S1369-5266\(02\)00285-6](https://doi.org/10.1016/S1369-5266(02)00285-6)
- Kim D, Pertea G, Trapnell C, Pimentel H, Kelley R, Salzberg SL (2013) TopHat2: accurate alignment of transcriptomes in the presence of insertions, deletions and gene fusions. *Genome Biol* 14(4):1-13. <https://doi.org/10.1186/gb-2013-14-4-r36>
- Koressaar T, Lepamets M, Kaplinski L, Raime K, Andreson R, Remm M (2018) Primer3_masker: integrating masking of template sequence with primer design software. *Bioinformatics* 34(11):1937-1938. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty036>
- Langmead B, Wilks C, Antonescu V, Charles R (2019). Scaling read aligners to hundreds of threads on general-purpose processors. *Bioinformatics* 35(3):421-432. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/bty648>
- Lehti-Shiu MD, Zou C, Hanada K, Shiu S. H. (2009). Evolutionary history and stress regulation of plant receptor-like kinase/pelle genes. *Plant Physiol* 150(1):12-26. <https://doi.org/10.1104/pp.108.134353>
- Lehti-Shiu MD, Shiu S (2012) Diversity, classification and function of the plant protein kinase superfamily. *Philos Trans R Soc* 367(1602):2619-2639. <https://doi.org/10.1098/rstb.2012.0003>
- Li H, Li X, Sun M et al (2021) Molecular characterization and gene expression analysis of tomato WOX transcription factor family under abiotic stress and phytohormone treatment. *J Plant Biochem Biotechnol* 30(4):973-986. <https://doi.org/10.1007/s13562-021-00723-8>
- Lindner H, Müller LM, Boisson-Dernier A, Grossniklaus U (2012) CrRLK1L receptor-like kinases: not just another brick in the wall. *Curr Opin Plant Biol* 15 (6):659-669. <https://doi.org/10.1016/j.pbi.2012.07.003>
- Liu H, Qu W, Zhu K, Cheng Z (2020a) The wild strawberry kinome: identification, classification and transcript profiling of protein kinases during development and in response to gray mold infection. *BMC Genom* 21(1):1-14. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-07053-4>
- Liu X, Meng P, Yang G, Zhang M, Peng S, Zhai MZ (2020b) Genome-wide identification and transcript profiles of walnut heat stress transcription factor involved in abiotic stress. *BMC Genom* 21(1):1-13. <https://doi.org/10.1186/s12864-020-06879-2>
- Liu J, Chen N, Grant JN, Cheng ZM, Stewart-Jr C N, Hewezi T (2015) Soybean kinome: functional classification and gene expression patterns. *J Exp Bot* 66(7):1919-1934. <https://doi.org/10.1093/jxb/eru537>
- Lu F, Ammiraju JS, Sanyal A et al (2009) Comparative sequence analysis of MONOCULM1-orthologous regions in 14 *Oryza* genomes. *PNAS* 106(6):2071-2076. <https://doi.org/10.1073/pnas.0812798106>
- Lu QH, Wang YQ, Yang HB (2021) Effect of exogenous calcium on physiological characteristics of salt tolerance in Tartary buckwheat. *Biologia* 76(12):3621-3630. <https://doi.org/10.1007/s11756-021-00904-9>
- Ma H, Chen J, Zhang Z et al (2017) MAPK kinase 10.2 promotes disease resistance and drought tolerance by activating different MAPKs in rice. *Plant J* 92(4):557-570. <https://doi.org/10.1111/tpj.13674>

- Martin M (2011) Cutadapt removes adapter sequences from high-throughput sequencing reads. *EMBnet J* 17(1):10-12. <https://doi.org/10.14806/ej.17.1.200>
- Miller GAD, Suzuki N, Ciftci-Yilmaz S, Mittler R (2010) Reactive oxygen species homeostasis and signalling during drought and salinity stresses. *Plant Cell Environ* 33(4):453-467. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3040.2009.02041.x>
- Openshaw K (2000) A review of *Jatropha curcas*: an oil plant of unfulfilled promise. *Biomass and bioenergy* 19(1):1-15.
- Osakabe Y, Yamaguchi-Shinozaki K, Shinozaki K, Tran LSP (2013) Sensing the environment: key roles of membrane-localized kinases in plant perception and response to abiotic stress. *J Exp Bot* 64(2):445-458. <https://doi.org/10.1093/jxb/ers354>
- Ou Y, Lu X, Zi Q et al (2016) RGF1 INSENSITIVE 1 to 5, a group of LRR receptor-like kinases, are essential for the perception of root meristem growth factor 1 in *Arabidopsis thaliana*. *Cell Res* 26(6):686-698.
- Ouyang SQ, Liu YF, Liu P et al (2010) Receptor-like kinase OsSIK1 improves drought and salt stress tolerance in rice (*Oryza sativa*) plants. *Plant J* 62(2):316-329. <https://doi.org/10.1111/j.1365-3113X.2010.04146.x>
- Overbeek R, Fonstein M, D'souza M, Pusch GD, Maltsev N (1999) The use of gene clusters to infer functional coupling. *PNAS* 96(6):2896-2901. <https://doi.org/10.1073/pnas.96.6.2896>
- Pan J, Li Z, Wang Q, Yang L, Yao F, Liu W (2020) An S-domain receptor-like kinase, OsESG1, regulates early crown root development and drought resistance in rice. *Plant Sci* 290:110318. <https://doi.org/10.1016/j.plantsci.2019.110318>
- Passricha N, Saifi SK, Kharb P, Tuteja N (2020) Rice lectin receptor-like kinase provides salinity tolerance by ion homeostasis. *Biotechnol Bioeng* 117(2):498-510. <https://doi.org/10.1002/bit.27216>
- Pfaffl MW, Horgan GW, Dempfle L (2002) Relative expression software tool (REST©) for group-wise comparison and statistical analysis of relative expression results in real-time PCR. *NAR* 30(9):e36-e36. <https://doi.org/10.1093/nar/30.9.e36>
- Qin X, Zheng X, Huang X, Lii Y, Shao C, Xu Y, Chen F (2014) A novel transcription factor JcNAC1 response to stress in new model woody plant *Jatropha curcas*. *Planta* 239:511–520. <https://doi.org/10.1007/s00425-013-1993-y>
- Ubersax JA and Ferrell Jr JE (2007) Mechanisms of specificity in protein phosphorylation. *Nat Rev Mol Cell Biol* 8(7):530-541. <https://doi.org/10.1038/nrm2203>
- Renau-Morata B, Molina RV, Carrillo L et al (2017) Ectopic expression of CDF3 genes in tomato enhances biomass production and yield under salinity stress conditions. *Front Plant Sci*. 8:660. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00660>
- Rehman N, Khan MR, Abbas Z et al (2020) Functional characterization of Mitogen-Activated Protein Kinase Kinase (MAPKK) gene in Halophytic *Salicornia europaea* against salt stress. *Environ Exp Bot* 171:103934. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2019.103934>
- Silva BV, Horta BA, Alencastro RBD, Pinto AC (2009) Proteínas quinases: características estruturais e inibidores químicos. *Quím Nova* 32(2):453-462. <https://doi.org/10.1590/S0100-40422009000200032>
- Singh K and Upadhyay SK (2021) LysM domain-containing proteins modulate stress response and signalling in *Triticum aestivum* L. *EBB* 189:104558. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2021.104558>
- Su Y, Liang W, Liu Z, Wang Y, Zhao Y, Ijaz B, Hua J (2017) Overexpression of GhDof1 improved salt and cold tolerance and seed oil content in *Gossypium hirsutum*. *J Plant Physiol* 218:222-234. <https://doi.org/10.1016/j.jplph.2017.07.017>
- Tian F, Yang DC, Meng YQ, Jin J, Gao G (2020) PlantRegMap: charting functional regulatory maps in plants. *NAR* 48:D1104-D1113. <https://doi.org/10.1093/nar/gkz1020>
- Veluthakkal R, Dasgupta MG (2010) Pathogenesis-related genes and proteins in forest tree species. *Trees*, 24:993-1006. <https://doi.org/10.1007/s00468-010-0489-7>

- Vij S, Giri J, Dansana PK, Kapoor S, Tyagi AK (2008) The receptor-like cytoplasmic kinase (OsRLCK) gene family in rice: organization, phylogenetic relationship, and expression during development and stress. *Mol Plant* 1(5):732-750. <https://doi.org/10.1093/mp/ssn047>
- Vogel C, Bashton, Kerrison ND, Chothia C, Teichmann SA (2004) A Structure, function and evolution of multidomain proteins. *Curr Opin Struct* 14(2): 208-216. <https://doi.org/10.1016/j.sbi.2004.03.011>
- Wang H, Zhao S, Gao Y, Yang J. (2017) Characterization of Dof transcription factors and their responses to osmotic stress in poplar (*Populus trichocarpa*). *PLoS One* 12(1): e0170210. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0170210>
- Wu T, Tian Z, Liu J, Xie C (2009) A novel leucine-rich repeat receptor-like kinase gene in potato, StLRPK1, is involved in response to diverse stresses. *Mol Biol Rep* 36(8):2365-2374. <https://doi.org/10.1007/s11033-009-9459-9>
- Xing HT, Guo P, Xia X L, Yin WL (2011) PdERECTA, a leucine-rich repeat receptor-like kinase of poplar, confers enhanced water use efficiency in Arabidopsis. *Planta* 234 (2):229-241. <https://doi.org/10.1007/s00425-011-1389-9>
- Xu G, Li M, Zhang HM et al (2018) NtRLK5, a novel RLK-like protein kinase from *Nicotiana glauca*, positively regulates drought tolerance in transgenic Arabidopsis. *BBRC* 503(3):1235-1240. <https://doi.org/10.1016/j.bbrc.2018.07.030>
- Xu J, Aileni M, Abbagani S, Zhang P (2010) A reliable and efficient method for total RNA isolation from various members of spurge family (Euphorbiaceae). *Phytochem Anal* 21(5):395-398. <https://doi.org/10.1002/pca.1205>
- Yan J, Li G, Guo X, Li Y, Cao X (2018) Genome-wide classification, evolutionary analysis and gene expression patterns of the kinome in *Gossypium*. *PloS one* 13(5):e0197392. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0197392>
- Yang Y, Yu TF, Ma J et al (2020) The soybean bZIP transcription factor gene GmbZIP2 confers drought and salt resistances in transgenic plants. *Int J Mol Sci* 21(2):670. <https://doi.org/10.3390/ijms21020670>
- Ye Y, Ding Y, Jiang Q, Wang F, Sun J, Zhu C (2016). The role of receptor-like protein kinases (RLKs) in abiotic stress response in plants. *Plant Cell Rep* 36(2):235-242. <https://doi.org/10.1007/s00299-016-2084-x>
- Yu CS, Chen YC, Lu CH, Hwang JK (2006) Prediction of protein subcellular localization. *Proteins: Structure, Function and Bioinformatics* 64(3):643-651. <https://doi.org/10.1002/prot.21018>
- Zhao S, Gao H, Jia X, Wang H, Ke M, Ma F (2020) The HD-Zip I transcription factor MdHB-7 regulates drought tolerance in transgenic apple (*Malus domestica*). *Environ Exp Bot* 180:104246. <https://doi.org/10.1016/j.envexpbot.2020.104246>
- Zhao W, Zhang LL, Xu ZS, Fu L, Pang HX, Ma YZ, Min DH (2021) Genome-wide analysis of MADS-Box genes in foxtail millet (*Setaria italica* L.) and functional assessment of the role of SiMADS51 in the drought stress response. *Front Plant Sci* 12:659474. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.659474>
- Zhang J, Wu J, Guo M et al (2020a) Genome-wide characterization and expression profiling of *Eucalyptus grandis* HD-Zip gene family in response to salt and temperature stress. *BMC plant Biol* 20(1):1-15. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02677-w>
- Zhang X, Xu W, Ni D, Wang M, Guo G (2020b). Genome-wide characterization of tea plant (*Camellia sinensis*) Hsf transcription factor family and role of CsHsfA2 in heat tolerance. *BMC Plant Biol* 20(1):1-17. <https://doi.org/10.1186/s12870-020-02462-9>
- Zhang P, Wang R, Yang X et al (2020c). The R2R3-MYB transcription factor AtMYB49 modulates salt tolerance in Arabidopsis by modulating the cuticle formation and antioxidant defence. *Plant Cell Environ* 43(8):1925-1943. <https://doi.org/10.1111/pce.13784>
- Zheng Y, Jiao C, Sun H et al (2016) iTAK: a program for genome-wide prediction and classification of plant transcription factors, transcriptional regulators, and protein kinases. *Mol Plant* 9(12):1667-1670. <https://doi.org/10.1016/j.molp.2016.09.014>
- Zulawski M, Schulze G, Braginets R, Hartmann S, Schulze WX (2014) The Arabidopsis Kinome: phylogeny and evolutionary insights into functional diversification. *BMC Genom* 15(1):1-15. <https://doi.org/10.1186/1471-2164-15-548>

Zhu K, Wang X, Liu J, Tang J, Cheng Q, Chen JG, Cheng ZMM (2018a). The grapevine kinome: annotation, classification and expression patterns in developmental processes and stress responses. *Hortic* 5. <https://doi.org/10.1038/s41438-018-0027-0>

Zhu K, Liu H, Chen X, Cheng Q, Cheng ZMM (2018b) The kinome of pineapple: catalog and insights into functions in crassulacean acid metabolism plants. *BMC Plant Biol* 18(1):1-16. <https://doi.org/10.1186/s12870-018-1389-z>

Zhu K, Fan P, Liu H, Zhao J, Tan P, Mo Z, Peng F (2021) Pecan kinome: Classification and expression analysis of all protein kinases in *Carya illinoensis*. *For Res* 1(1):1-12. <https://doi.org/10.48130/FR-2021-0014>

4.2 ARTIGO 2

Identificação de proteínas quinases semelhantes a receptores ricos em leucina (RLK-LRR) em *Jatropha curcas* sob estímulo salino

Francielly Negreiros de Araújo¹, Rahisa Helena da Silva¹, Elvia Jéssica da Silva Oliverira¹, Manassés Daniel da Silva¹, Wilson José da Silva Júnior¹, Laurício Endres², Éderson Akio Kido^{1*}

¹Departamento de Genética, Centro de Biosciências, Universidade Federal de Pernambuco (UFPE), Recife – PE, CEP 50670-420, Brasil

²Centro de Ciências Agrárias, Universidade Federal de Alagoas (UFAL), Maceió – AL, CEP 57072-970, Brasil

*E-mail autor correspondente: ederson.kido@ufpe.br

Resumo: o presente estudo possibilitou identificar e caracterizar as proteínas quinases LRR (quinases semelhantes a receptores ricos em leucina) presentes no quinoma de *Jatropha curcas*, analisando a diversidade estrutural das subfamílias e elementos *cis*-reguladores (ECRs). Quanto às proteínas LRR, prospectamos domínios conservados, atributos físico-químicos e localização subcelular, além disso, uma rede de interação proteína-proteína (PPI) foi construída com base nos genes diferencialmente expressos de dois acessos de *J. curcas*. O quinoma de *J. curcas* é composto por 259 proteínas LRR, codificadas por 200 genes únicos, aproximadamente 22% dos genes codificadores presente no quinoma da espécie. A análise fenética revelou 23 subfamílias LRR, sendo essa a maior e mais diversa família do grupo RLK-Pelle. A estrutura gênica e a disposição dos ECRs apresentaram variação intra e interfamiliar. A maioria das subfamílias encontra-se localizadas na membrana plasmática, reforçando a atuação dessas quinases na percepção de estímulos e mediação da cascata de sinalização. As subfamílias ancoradas na membrana apresentaram similaridade das propriedades proteicas. Os dois acessos, Jc171 e Jc183, exibiram expressão de subfamílias distintas em resposta ao estímulo salino (NaCl 150mM/3h). A rede PPI de Jc171 mostrou que as LRR reprimidas estão associadas a processos metabólicos, de crescimento e desenvolvimento da planta, além da resposta a estímulos. Em Jc183, a rede PPI associou as LRR a regulação de processos biológicos, resposta ao estímulo e regulação negativa da morte celular. Os dados apontam para uma divergência na resposta dos acessos ao estímulo salino, sugerindo que o mecanismo de resposta ao estresse é dependente do genótipo.

Palavras-chave: Pinhão-manso. Estresse abiótico. Bioinformática. Interatoma.

INTRODUÇÃO

Mudanças climáticas intensas representam ameaças à sobrevivência das plantas, ao desencadear efeitos prejudiciais ao crescimento e desenvolvimento (OSAKABE *et al.*, 2013). As plantas, por serem organismos sésseis, desenvolveram mecanismos elaborados de resposta para neutralizar as adversidades do meio (CHO; LEE; OH, 2023), através de alterações fisiológicas e bioquímicas, reguladas pela expressão de genes estresse responsivos (MIZOI; SHINOZAKI; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, 2012). Assim, plantas terrestres, aprimorando os mecanismos de respostas, acabam por conferir tolerância a estresses abióticos, tais como a seca e a salinidade (SHAO *et al.*, 2019; FENG *et al.*, 2019), que tendem a limitar o desenvolvimento das plantas, reduzindo produções e produtividades agrícolas.

Na interação planta-ambiente, as proteínas receptoras são componentes primários de atuação na percepção de estímulos e sinalização das informações para uma rede de interações intra e extracelular (OSAKABE *et al.*, 2013), enquanto que as quinases catalisam a reação de fosforilação de proteínas, por meio da transferência do grupamento γ -fosfato terminal do nucleotídeo trifosfato (ATP ou GTP), para hidroxilas nos resíduos de aminoácidos específicos, que nos eucariotos correspondem a treonina, serina ou tirosina (UBERSAX; FERREL, 2007; SILVA *et al.*, 2009). Além da função catalítica, os domínios quinase facilitam a ligação e orientação do doador de fosfato (ATP) com o substrato proteico (DIEVART *et al.*, 2020). Por sua vez, as quinases semelhantes a receptores (RLK) formam um grupo amplo de proteínas receptoras com uma variedade de domínios extracelulares, e que as direcionam a atuarem desde as interações na parede celular, indo ao controle do desenvolvimento, e até a resistência a doenças (GISH; CLARK, 2011). Dentre os grupos de receptores RLK, a família LRR se destaca pela diversidade de subfamílias e atuações nos diferentes processos biológicos de desenvolvimento e de respostas as tensões ambientais (SOLTABAYEVA *et al.*, 2022). A família LRR apresentam repetições ricas em leucina, com 20 a 30 resíduos de aminoácidos em *tandem*, cujos resíduos variam tanto em número quanto em arranjo dentro do domínio extracelular (SU; PENG; SHEN, 2022), permitindo com que as LRR reconheçam uma ampla diversidade de ligantes.

O pinhão-mansão (*Jatropha curcas* L.) é uma espécie de aplicabilidade versátil, sendo aproveitada desde a raiz, caule, folha, fruto e semente. É planta considerada de alto rendimento, sendo aproveitados os restos orgânicos como adubo (YAQOOB *et al.*, 2021), e na área ambiental, a cultura é empregada na prevenção e controle de erosão, recuperação de áreas degradadas, contenção de encostas e dunas (ALVES, 2008), fitorremediação de solos contaminados por metais e sequestro de carbono (PANDEY *et al.*, 2012). Além disso, o óleo extraído das sementes é matéria-prima para a produção de biodiesel (XU *et al.*, 2010), e a demanda crescente por combustíveis menos danosos ao meio ambiente, torna o biodiesel uma excelente alternativa para o setor de energia. Logo, visto que a expressão de quinases permanecem pouco exploradas em *J. curcas* expostas a estresse ambiental, a identificação e caracterização genômica e transcriptômica da família LRR, a mais bem representada das RLK, pode contribuir para uma melhor compreensão dos mecanismos de resposta dessa espécie ao estresse salino, condição enfrentada principalmente em regiões semiáridas do Nordeste brasileiro, em processos de salinização dos solos.

Apesar do teor de sais no solo ser ocasionado por fatores naturais, tais como o intemperismo de rochas e o avanço da água do mar, as ações do homem vêm desencadeando uma aceleração desenfreada nestes processos. O aumento de sais no solo provoca acúmulo de íons tóxicos, causando a diminuição da intumescência protoplasmática, o que prejudica a germinação e o desenvolvimento vegetal (CRUZ; ANDRADE; ALVES, 2016). Além de afetar processos essenciais como homeostase, fotossíntese, transpiração e as reações enzimáticas (NEGRÃO; SCHMOCKEL; TESTER, 2017). Ao ser submetida a condições limitantes, como o estresse salino, a planta desencadeia uma série de sinalizações celulares, dentre elas estão a percepção do íon cálcio (Ca^{2+}), a produção de espécies reativas de oxigênio (ERO), e a fosforilação de proteínas pelas quinases (GAO *et al.*, 2018).

MATERIAIS E MÉTODOS

Identificação e classificação de potenciais proteínas RLK-LRR

Proteínas RLK-LRR foram identificadas a partir dos dados do quinoma potencial de *J. curcas*. Os candidatos LRR identificados tiveram a proteína primária, relativa a cada gene, submetidas a análise fenética a partir de alinhamento múltiplo via CustalX2 (LARKIN *et al.*, 2007), com aplicação dos métodos *neighbor-joining* (SAITOU; NEI, 1987) com 1000 repetições de *bootstrap*, sendo visualizadas com auxílio do aplicativo iTOL (*Interactive Tree Of Life*, v. 6). Dados acerca do conjunto geral de quinases das espécies *Manihot esculenta*, *Ricinus communis* e *Arabidopsis thaliana*, foram recuperados do banco iTAK, a fim de analisar a conservação das subfamílias LRRs.

Caracterização estrutural dos genes RLK-LRR candidatos

Características estruturais dos genes candidatos *RLK-LRR* foram extraídas por meio do script *Genestats*:

<https://github.com/darencard/GenomeAnnotation/blob/master/genestats>.

Foram analisados os seguintes parâmetros: (1) comprimento (pb) do transcrito, (2) número de éxons, (3) comprimento total (pb) da sequência de éxons, (4) número de íntrons, (5) comprimento total (pb) da sequência de íntrons, (6) número de blocos de CDS, (7) comprimento total (pb) da sequência de CDS. Adicionalmente foram compilados número de loci (8) e número de domínios quinase (9).

Caracterização das proteínas RLK-LRR candidatas

As potenciais proteínas quinases LRR de *J. curcas* foram caracterizadas quanto ao peso molecular (MW) e ponto isoelétrico (pI), pela ferramenta JVirGel (HILLER *et al.*, 2006), sendo as respectivas localizações subcelulares previstas pela ferramenta CELLO (YU *et al.*, 2006), enquanto o tamanho das proteínas foi recuperado do iTAK.

Análise de elementos *cis*-reguladores em prováveis regiões promotoras de genes RLK-LRR candidatos

Potenciais regiões promotoras (1000 pb a montante do sítio de iniciação) de genes RLK-LRR foram extraídos do genoma de referência de *J. curcas* (RJC1_Hi-C, GCA_014843425.1) com auxílio da ferramenta GFF-Ex (RASTOGI; GRUPTA, 2014). Os motivos (elementos *cis*-regulatórios, ECR) em cada região de promotor foram prospectados pelo software MEME, v5.4.1 (BAILEY; ELKAN, 1994), a partir de parâmetro

de corte $e\text{-value} < 10^{-2}$, delimitados para 10 motivos por região promotora, com extensão variando de 6 a 50 nucleotídeos.

Para atribuir os fatores de transcrição (FT) aos ECR utilizou-se o *software* TomTom, v4.11.24 (GUPTA *et al.*, 2007), acoplado ao banco de dados JASPAR (JASPAR CORE (2018), *non redundante*), realizando alinhamentos ($p\text{-value} < 10^{-2}$) dos ECR identificados por MEME contra os motivos anotados, sendo as identidades dos FTs associados aos ECRs dos melhores acertos.

Bibliotecas RNA-Seq e análise de expressão

As bibliotecas de RNA-Seq foram geradas a partir de dois acessos brasileiros distintos de *J. curcas*, Jc183 (*salt-tolerant-like*) e Jc171 (*less-salt-tolerant*), após exposição de 3 horas a NaCl 150 mM (Fig. 1), conforme ensaio experimental descrito por De Souza *et al.* (2020). A montagem do transcriptoma considerou as leituras brutas obtidas por De Souza *et al.* (2020), que foram meticulosamente analisados e alinhados ao conjunto RefSeq RJC1_Hi-C de *J. curcas*, servindo como genoma de referência (JACVEQ01, GCA_014843425.1). Potenciais genes *RLK-LRR* diferencialmente expressos (GDEs) foram identificados aplicando os limiares de $p\text{-value} \leq 0,05$, $q\text{-value} \leq 0,05$ e $\text{Log}_2\text{FC} \geq 1$ (induzido ou *upregulated*, UR) ou ≤ -1 (reprimido ou *downregulated*, DR). A modulação da expressão foi estimada de valores de Log_2FC referentes as condições após estímulo salino em comparação ao controle sem o sal.

Construção da rede de interação proteína-proteína (PPI)

Proteínas *RLK-LRR* candidatas foram caracterizadas em análise PPI (interação proteína-proteína) utilizando a ferramenta STRING (v. 11.5; <http://string-db.org>; SZKLARCZYK *et al.*, 2015), visando estabelecer uma relação funcional entre proteínas a partir de características em comum. Na rede PPI, as proteínas (representadas por nós) e as interações (por arestas), tiveram como modelo *A. thaliana*, em virtude da ausência dos dados em *J. curcas*. As interações consideraram dados experimentais, co-expressão, co-ocorrência e homologia, com *score* máximo de 0,9 (*highest confidence*) e mínimo de 0,7 (*high confidence*); número de iteradores máximo de 20 (*1st shell*) e 10 (*2nd shell*), ficando os nódulos fora da rede desconsiderados.

Redes foram geradas para as *RLK-LRR* previstas no quinoma, e para as *RLK-LRR* associadas aos DEGs de Jc171 e Jc183. Adicionalmente, agregou-se aos componentes das redes previstas uma análise de enriquecimento funcional para os principais processos biológicos, funções moleculares e componentes celulares, a partir do método *Aggregate Fold Change* (YU *et al.*, 2017).

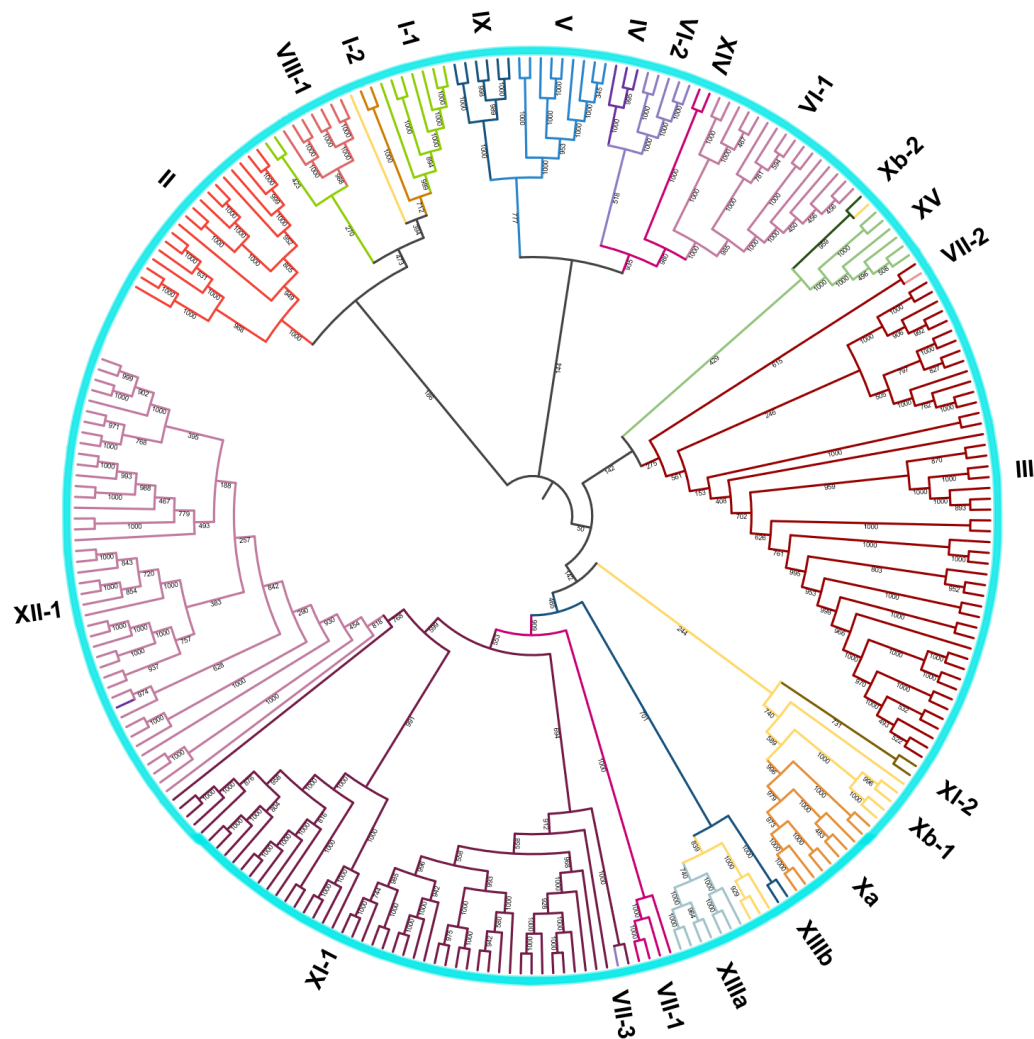
RESULTADOS

Identificação e classificação de proteínas *RLK-LRR*

Um total de 200 genes candidatos *RLK-LRR* foram identificados (Tabela Suplementar 1), codificando 259 proteínas quinase semelhantes a receptores rico em leucina, de 23 subfamílias (Figura 1). As três subfamílias mais representadas foram LRR-III (48), LRR-XI-1 (47), LRR-XII-1 (42); e as três com somente um representante foram LRR-VII-2, LRR-VII-3 e LRR-Xb-2.

Figura 1. Análise fenética das quinases LRR (quinases semelhantes a receptores ricos em leucina) presentes no quinoma de *J. curcas*, identificadas e classificadas pelo iTAK (*Plant Transcription Factor & Protein Kinase Identifier and Classifier*). As sequências proteicas foram alinhadas no ClustalX e a árvore

foi construída usando o método *neighbor-joining* (1.000 repetições de *bootstrap*), utilizando apenas as proteínas primárias.



Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

A análise de LRR nas espécies *M. esculenta* (355), *R. communis* (218) e *A. thaliana* (228) revelou que as três espécies depositadas no banco de dados iTAK, apresentaram perfis comparativos distintos compreendendo os quantitativos das 23 subfamílias genicas (Tabela 1).

Tabela 1. Quantitativo de proteínas quinase para as subfamílias RLK-LRR nas espécies de *Jatropha curcas* (genoma e RNA-Seq), *Manihot esculenta*, *Ricinus communis* e *Arabidopsis thaliana*, previstas e classificadas pela ferramenta iTAK (*Plant Transcription Factor & Protein Kinase Identifier and Classifier*).

Famílias LRR	<i>J. curcas</i>	<i>M. esculenta</i>	<i>R. communis</i>	<i>A. thaliana</i>	RNA-Seq
LRR-I-1	9	18	16	48	5
LRR-I-2	2	4	3	2	0
LRR-II	18	19	10	14	8
LRR-III	48	62	39	47	27
LRR-IV	3	5	7	3	3
LRR-V	9	5	6	9	3
LRR-VI-1	16	7	5	5	1
LRR-VI-2	5	7	3	8	3
LRR-VII-1	4	6	4	5	4
LRR-VII-2	1	3	2	3	1
LRR-VII-3	1	2	2	2	0
LRR-VIII-1	7	10	4	8	3
LRR-IX	6	8	5	5	6
LRR-Xa	10	10	5	4	3
LRR-Xb-1	11	13	10	9	11
LRR-Xb-2	1	1	1	1	1
LRR-XI-1	47	80	43	34	27
LRR-XI-2	2	4	2	2	2
LRR-XII-1	42	74	40	8	15
LRR-XIIIa	7	4	3	4	1
LRR-XIIIb	2	3	2	3	1
LRR-XIV	2	3	2	2	2
LRR-XV	6	4	4	2	2

Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

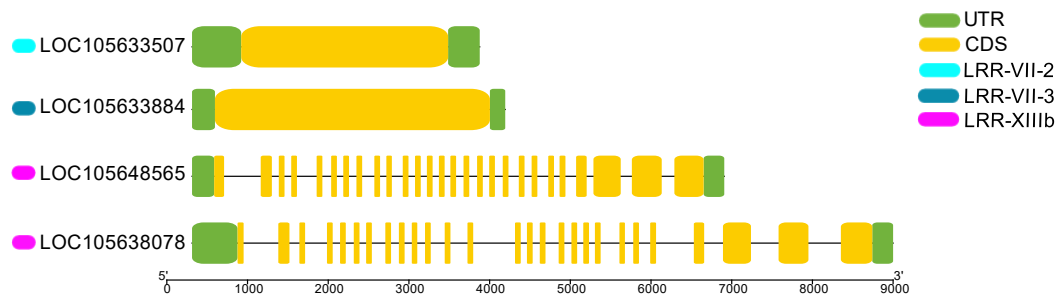
Caracterização estrutural dos potenciais genes *JcRLK-LRR*

Praticamente todas as 259 *JcRLK-LRR* candidatas identificadas no quinoma previsto de *J. curcas* apresentaram em média dois domínios quinase, PF00069.22 (domínio proteína quinase) e PF07714.14 (proteína tirosina quinase), com exceção de três proteínas da família LRR-III (XP_012075725.1, XP_012075793.1, XP_012079309.1) que apresentaram três domínios (um domínio quinase e dois domínios tirosina quinase).

Para analisar mais detalhadamente a diversidade estrutural representativa das subfamílias RLK-LRR, foram contabilizados o número de íntrons, éxons e blocos CDS, com seus respectivos comprimentos em pb (Tabela 2). O número de íntrons encontrados entre membros das subfamílias variou de 0 (LRR-VII-2 e VII-3) a 26 (LRR-XIIIb), cujas

estruturas gênicas representativas dessas subfamílias podem ser observadas na Figura 2.

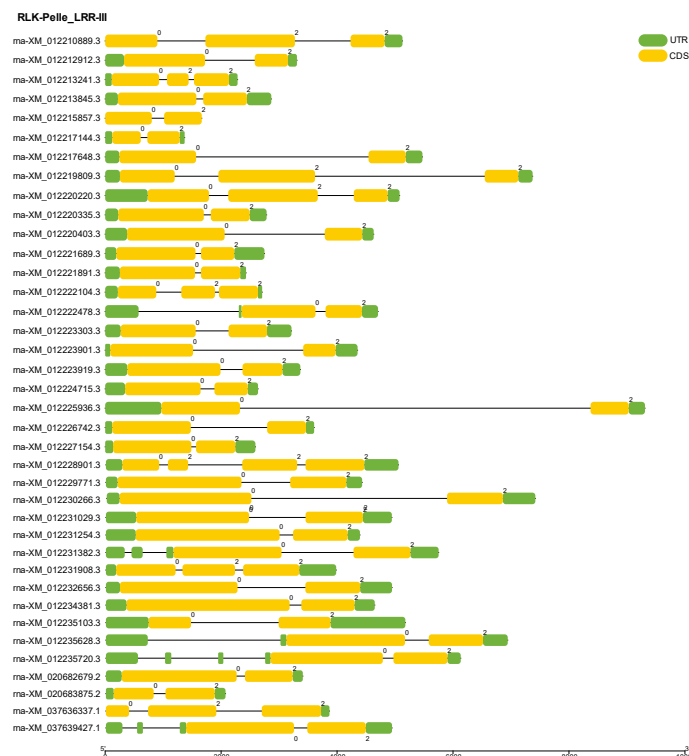
Figura 2. Estrutura gênica representativa das subfamílias LRR sem íntrons (LRR-VII-2, LRR-VII-3) contrastando com a subfamília com maior número de íntrons detectados (2 membros de LRR-XIIIb).



Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

Em torno de 65% das subfamílias apresentaram em média dois ou mais íntrons em suas estruturas representativas de seus membros. As subfamílias com representantes com mais de 10 íntrons foram: LRR-I-1, LRR-V, LRR-VI-2, LRR-VIII-1, LRR-XIIIb. Além do número, a extensão dos íntrons também apresentou variação tanto interfamiliar quanto intrafamiliar, como observado na subfamília LRR-III (Figura 3).

Figura 3. Estrutura dos genes codificadores de proteínas quinases da subfamília LRR-III de *J. curcas*.



Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

Tabela 2. Dados da estrutura genica de membros das subfamílias LRR de *Jatropha curcas*. Parâmetros representados em valores mínimos e máximos.

Famílias	Nº de loci no genoma	Nº de domínios quinase	Comprimento do transcrito	Nº de éxons	Comprimento dos éxons	Nº de íntrons	Comprimento dos íntrons	Nº de blocos CDS	Comprimento CDS
LRR-I-1	7	2	2511- 9035	7- 19	1759- 4286	6-18	752- 5066	7-19	1425- 4002
LRR-I-2	1	2	5244	8	1950	7	3294	7	1260
LRR-II	11	2	3733-21850	5-11	1363-2953	4-10	1130-19225	5-11	1077-2148
LRR-III	38	2-3	1366-9312	2-5	1232-4128	1-4	81-6047	2-4	1020-3192
LRR-IV	3	2	3069-3826	4	2419-2785	3	284-1254	4	2022-2049
LRR-V	5	2	5567-9941	16-19	2473-3197	15-18	3023-6744	16-17	2145-2433
LRR-VI-1	5	2	3587-5082	6-9	2600-3623	5-8	824-1789	6-7	2229-2406
LRR-VI-2	4	2	4306-5742	9-14	2332-3249	9-13	1974-3100	9-13	2013-2097
LRR-VII-1	4	2	3650-5288	2	3380-4290	1	91-998	2	2655-3006
LRR-VII-2	1	2	3566	1	3566	0	0	1	2565
LRR-VII-3	1	2	3882	1,0	3882	0	0	1	3408
LRR-VIII-1	5	2	5695-40082	18-24	2572-3578	17-23	2367-37231	18-24	2391-3030
LRR-IX	6	2	3133-4668	2	2975-3569	1	158-1167	2	2649-2904
LRR-Xa	7	2	2159-4340	1-4	1688-2920	0-3	0-2135	1-4	1491-1866
LRR-Xb-1	11	2	1140-4935	1-3	1032-4815	0-2	0-336	1-3	615-3819
LRR-Xb-2	1	2	3985	2	3773	1	212	2	3312
LRR-XI-1	42	2-4	986-13845	2-24	909-5397	1-23	39-10354	2-24	900-3891
LRR-XI-2	2	2	2314-3101	1-2	2314-2461	0-1	0-640	1-2	1203-1920
LRR-XII-1	36	1-2	745-49053	2-15	651-4675	1-14	36-46232	2-15	471-3498
LRR-XIIIa	3	2	2728-10354	5-14	1127-2617	4-13	1601-7737	5-13	1062-1809
LRR-XIIIb	2	2	6596-8688	27	3509-3783	26	3087-4905	27	2961-2979
LRR-XIV	2	2	5698-6759	4-5	3960-3942	3-4	1756-2799	4	2706-2709
LRR-XV	3	2	3734-5110	1-4	3734-4724	0-3	0-386	1-2	3234-3477

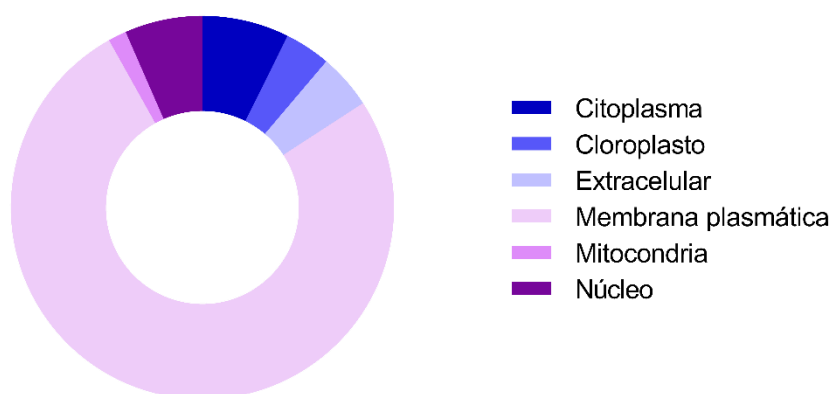
Fonte: Dados da Pesquisa, 202

Caracterização das proteínas RLK-LRR

As proteínas JcRLK-LRR foram previstas em seis diferentes compartimentos celulares (Figura 4), com cerca de 76% (197/259) delas ancoradas na membrana plasmática (Tabela Suplementar 2). Das 23 subfamílias RLK-LRR, 22 delas apresentaram membros ancorados na membrana plasmática, exceto (LRR-XI-2). Essas proteínas apresentam em média 841,64 aminoácidos, com ponto isoelétrico médio de 6,78 e peso molecular de 90106,7 Da. A maioria das subfamílias localizadas neste compartimento apresentam similaridade das propriedades proteicas, com pouca variação do tamanho, ponto isoelétrico e peso molecular. As subfamílias com variação expressiva nesses dados foram aquelas com maior número de representantes (LRR-III, XI-1, XII-1). Os dados referentes a variação de cada subfamília, está disponível na Tabela Suplementar 2.

O citoplasma é o segundo compartimento previsto com as proteínas RLK-LRR (19), abrigando 5 subfamílias (LRR-II, III, VI-2, Xa, XII-1) com pouca variação das propriedades proteicas. O mesmo é observado nos demais compartimentos: núcleo (17), onde estão localizadas 5 subfamílias (LRR-III, V, VIII-1, Xb-1, XI-1); compartimento extracelular (12), abrigando 8 subfamílias com poucos representantes, de 1 a 4 membros (LRR-II, III; IV, IX, VIII-1, Xb-1, XI-1, XII-1); cloroplasto (10) com 5 subfamílias (LRR-I-1, II, III, VII-1, XI-1) e mitocôndria (4), com 3 subfamílias (LRR-III, Xb-1, XI-2).

Figura 4 Localização subcelular das proteínas quinases LRR em *J. curcas*, via ferramenta CELLO.

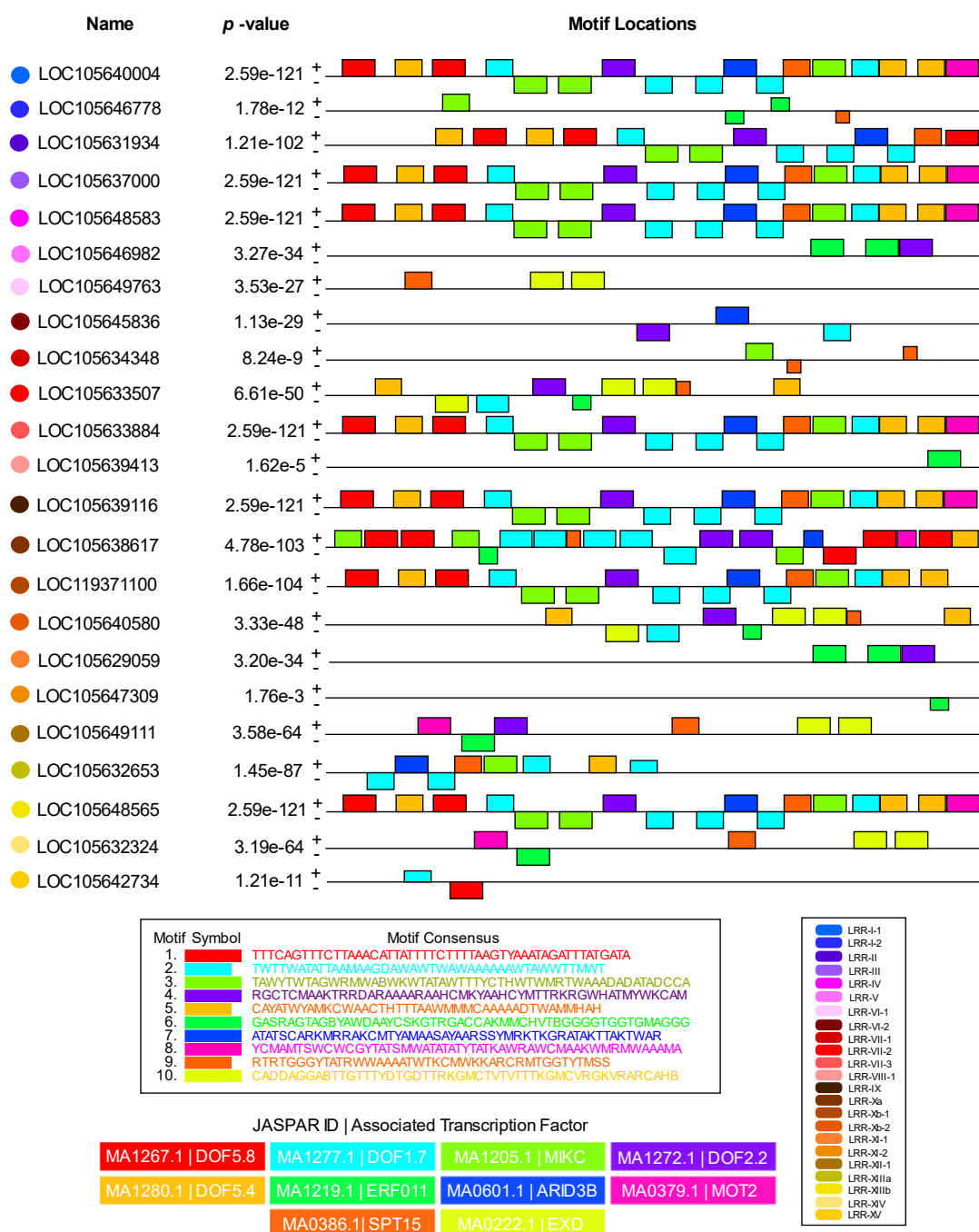


Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

Análise dos elementos *cis*-reguladores

Os 10 elementos *cis*-reguladores previstos para conjunto de promotores de genes das 23 subfamílias RLK-LRR de *J. curcas* (Figura 5), podem ser associados as seguintes famílias de fatores de transcrição: DOF (DOF1.7, DOF2.2, DOF5.4, DOF5.8), ARID3B, ERF011, EXD, MICK, MOT2, SPT15. O quantitativo de motivos nas subfamílias variou de 1 (LRR-XI-2, LRR-VIII-1) a 20 (LRRR-Xa). Nos genes com maior número de motivos, os elementos que mais se repetiram foram aqueles associados com as famílias de fatores de transcrição DOF e MICK.

Figura 5. Distribuição de elementos *cis*-reguladores ancorados em regiões promotoras de genes codificadores de proteínas quinase LRR em *J. curcas*.



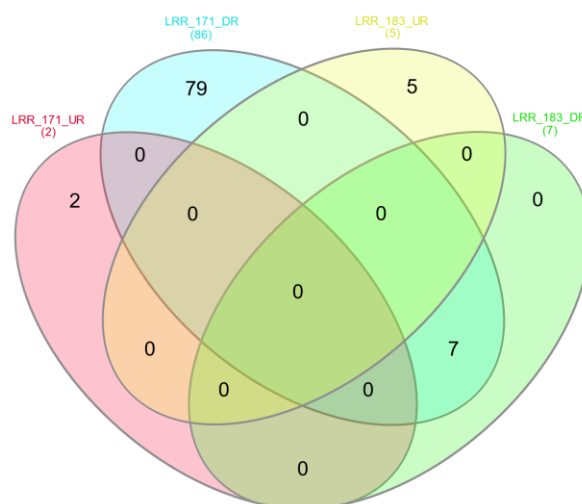
Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

A partir da Figura 5, pode-se observar que os genes que codificam as proteínas LRR-I-1, LRR-III, LRR-IV, LRR-VII-3, LRR-IX, LRR-Xb-1 e LRR-XIIIb apresentam um padrão de motivos conservado, esse número equivale a cerca de 30% das 23 subfamílias LRR. As demais subfamílias apresentam variações na composição de motivos e localização dos mesmos na região promotora.

Expressão diferencial de LRR nos acessos Jc171 e Jc183

No transcriptoma de *J. curcas*, foram identificados 129 transcritos RLK-LRR candidatos para o acesso Jc171, dentre os quais, 88 GDEs (2 UR; 86 DR) (Tabela suplementar 3), sendo dois membros RLK-LRR induzidos em resposta ao estímulo salino, subfamílias LRR-III e XII-1. Para o acesso Jc183, foram identificados 128 transcritos RLK-LRR, dos quais 12 GDEs (5 UR, 7 DR) (Tabela suplementar 3), sendo cinco induzidos, 4 deles da subfamília LRR-XI-1 e um da subfamília LRR-Xa. Como pode ser observado a partir do diagrama de Venn (Figura 6), as RLK-LRR induzidas em resposta ao estímulo salino foram exclusivas de cada acesso, com compartilhamento de 7 RLK-LRR reprimidas em resposta ao estímulo salino.

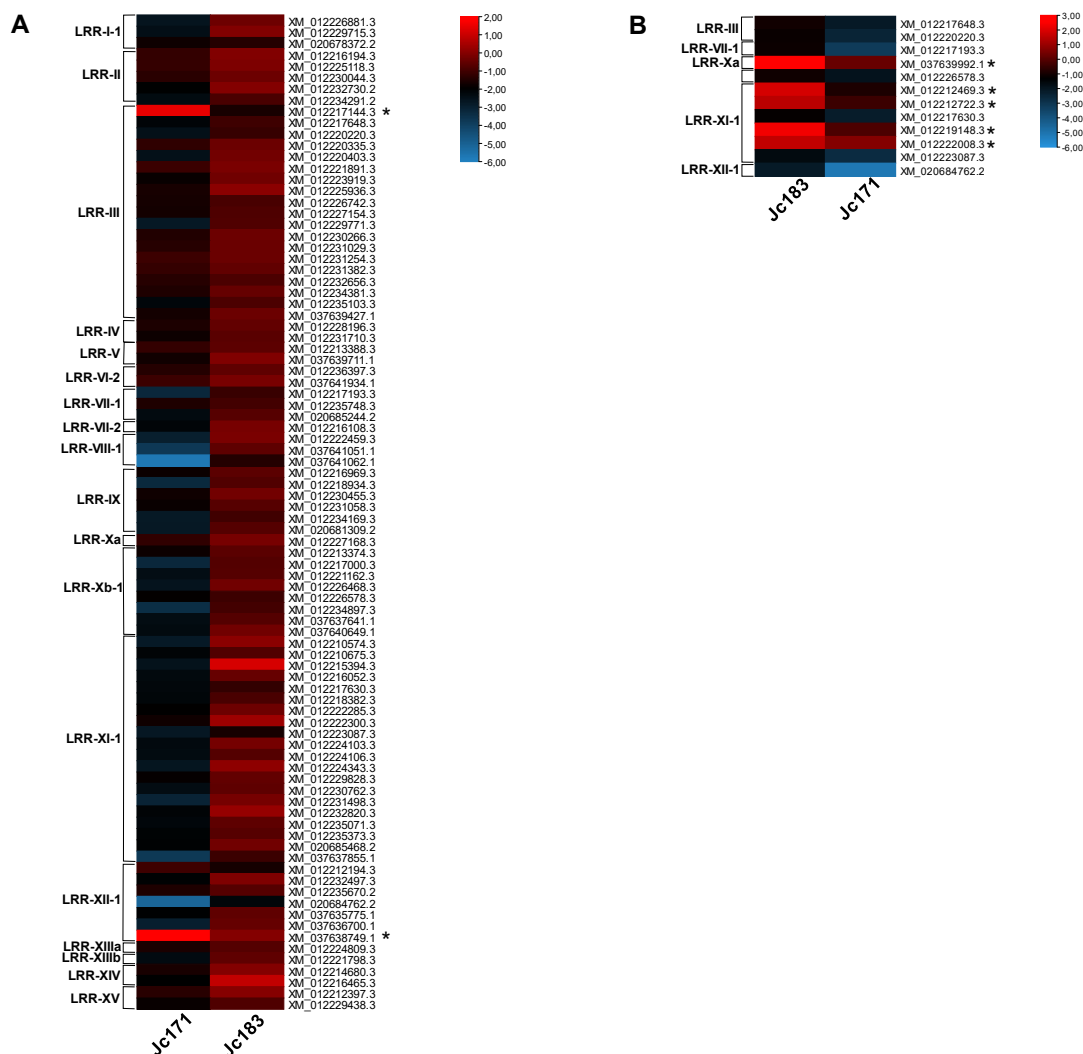
Figura 6. Sobreposição de genes LRR diferencialmente expressos nos acessos *sensitive-like* (Jc171) e *tolerant-like* (Jc183) de *J. curcas* sob estímulo salino (3h de exposição a NaCl 150mM). Região rosa corresponde a transcritos *upregulation* (UR) em Jc171; região azul corresponde aos transcritos *downregulation* (DR) neste acesso. Região amarela corresponde a transcritos regulados *upregulation* em Jc183; região verde corresponde aos transcritos *downregulation* para Jc183.



Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

A Figura 7-A mostra os *heatmaps* indicando o perfil de expressão de LRR para o acesso Jc171 em comparação ao controle negativo, e contrastando com a expressão do transcrito correspondente em Jc183. O conjunto de LRR expressas no acesso *tolerant-like* (Jc183) em comparação ao seu controle negativo também é mostrado na Figura 7-B.

Figura 7. Mapas de calor indicando a modulação da expressão de membros da família RLK-LRR em raízes de *J. curcas* dos acessos (A) Jc171, após exposição a estímulo salino (NaCl 150mM por 3h), em comparação ao controle negativo e em (B) Jc183, na respectiva comparação. A expressão dos GDEs segue de acordo com a escala ao lado do gráfico, onde o valor ≥ 1 representa os induzidos e ≤ -1 os reprimidos. Os transcritos induzidos estão indicados por um asterisco (*).



Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

Rede PPI prevista para o conjunto de RLK-LRRs prospectadas do quinoma de *J. curcas*

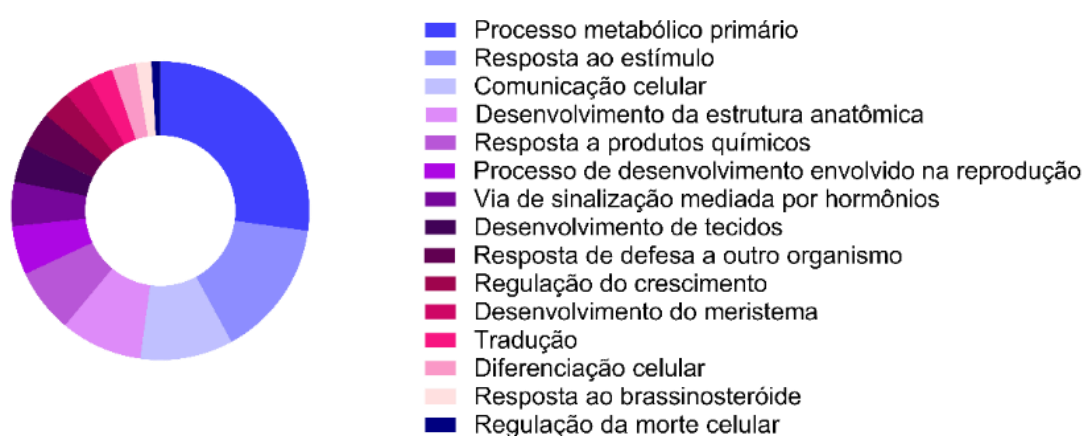
O conjunto de 259 proteínas RLK-LRR prospectadas do quinoma de *J. curcas* permitiu prever uma rede PPI com 143 nódulos e 92 arestas, obtendo uma média de nós de 1,29 e um coeficiente médio de agrupamento local de 0,262. Essa rede PPI destacou 23 proteínas RLK-LRR de *J. curcas*, as quais formaram diferentes *clusters*, cujas interações proteína-proteína ressaltaram dados experimentais, de co-expressão, de co-ocorrência e de homologia, variando de 1 a 5.

A caracterização via termos GO, fornecida pela ferramenta STRING, evidenciou 82 termos enriquecidos relacionados a processos biológicos (Figura 8), 26 para função molecular, e 13 para componente celular (Tabela suplementar 4A). Em processos

biológicos, destaques foram para o metabolismo primário, a resposta ao estímulo, a comunicação celular, a via de sinalização mediada por hormônios, a regulação do crescimento da planta, e o desenvolvimento dos tecidos e meristema da raiz.

O enriquecimento associando componentes da rede às vias metabólicas da plataforma KEGG (Tabela suplementar 4B), evidenciou 11 proteínas associadas com ribossomos. Quanto a formação de *clusters* locais, foram apontados 38 *clusters* (Tabela suplementar 4C), dentre os quais pode ser contabilizado 9 proteínas no *cluster* associado a sinalização célula-célula e desenvolvimento do complexo estomático, 5 proteínas associadas a regulação do crescimento do meristema da raiz, e 4 proteínas associadas a homeostase tecidual.

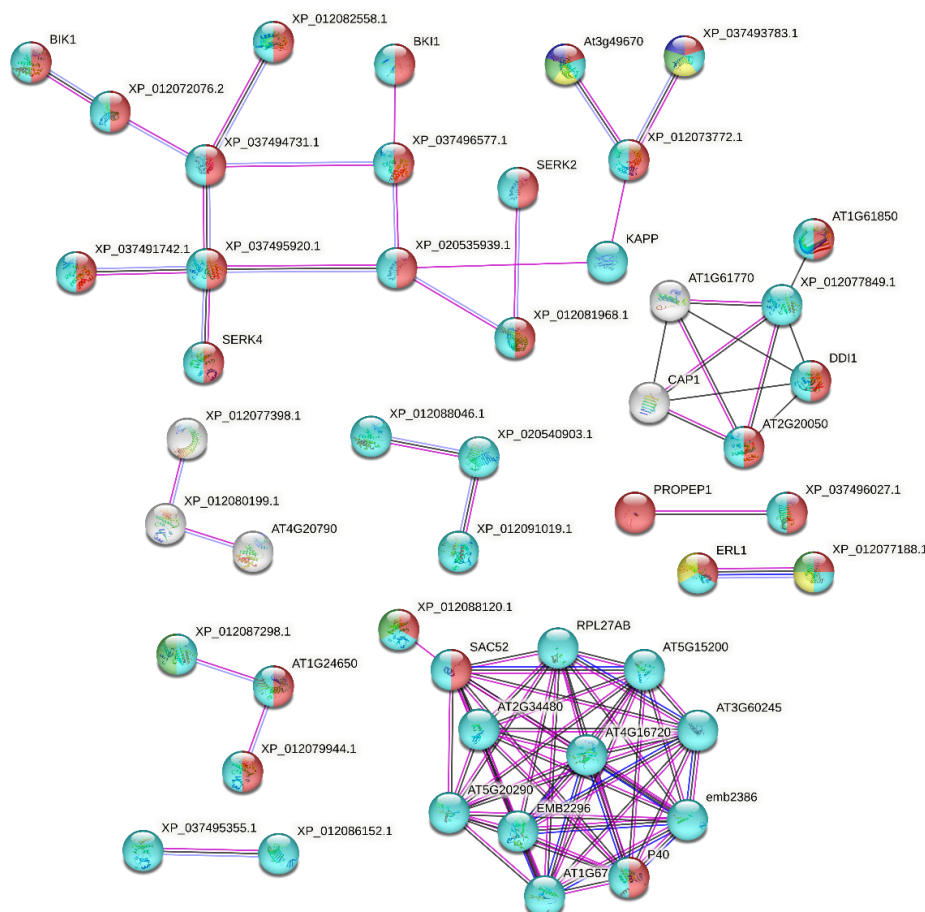
Figura 8. Gráfico destacando os 15 principais processador biológicos enriquecidos para o conjunto de LRR presentes no quinoma de *J. curcas*.



Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

Observando a Figura 9 se pode destacar as interações majoritariamente determinadas experimentalmente; com exceção apenas das interações estabelecidas entre: LRR (XP_012077849.1) e a fosfolipase (AT1G61850); bem como DDI1 (AT3G13235), fosfatase (AT2G20050), CAP1 (AT4G34490), LRR (XP_012077849.1) e a chaperona-dnaj (AT1G61770).

Figura 9. Interatoma das proteínas LRR do quinoma de *J. curcas*, gerado pela ferramenta STRING, tendo por base proteínas ortólogos de *A. thaliana*. As esferas representam proteínas e as arestas as interações (rosa: experimental; preto: co-expressão; azul: co-ocorrência; lilás: homologia). Proteínas do arquivo de entrada são identificadas pelo ID “XP”. Cores das esferas representam termos GO, onde os processos biológicos estão indicados nas cores azul-claro: processo metabólico primário; vermelho: resposta ao estímulo; verde: regulação do crescimento; amarelo: desenvolvimento do tecido; azul escuro: desenvolvimento do meristema da raiz.



Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

Rede PPI prevista para o conjunto de RLK-LRR diferencialmente expressas no acesso Jc171, em resposta ao estímulo salino

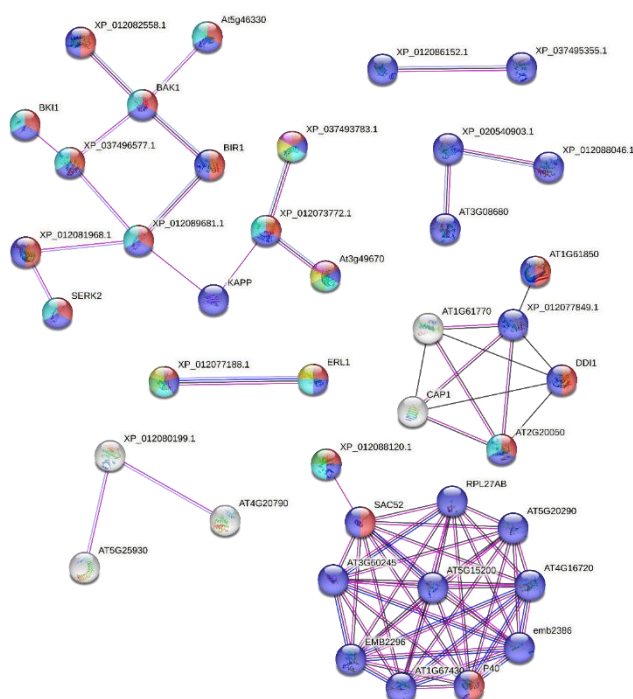
Do conjunto de 88 proteínas RLK-LRR associadas a GDEs do acesso Jc171, submetidas ao STRING, foi prevista uma rede PPI com 95 nós e 76 arestas, obtendo uma média de nós de 1,6 e um coeficiente médio de agrupamento local de 0,32. Essa rede ressaltou 14 proteínas RLK-LRR, que formaram 3 principais *clusters*, onde o número de interações proteína-proteína variou de 1 a 5. (Figura 10).

A caracterização via termos GO evidenciou 65 termos enriquecidos relacionados a processos biológicos, 22 para função molecular, e 14 para componente celular (Tabela suplementar 5A). O enriquecimento associando componentes da rede às vias metabólicas da plataforma KEGG (Tabela suplementar 5D), evidenciou 10 proteínas associadas com ribossomo. Quanto a formação de *clusters* locais, foram apontados 33

clusters (Tabela suplementar 5C), dentre os quais pode ser contabilizado 15 proteínas no *cluster* associado a receptor transmembrana, 10 proteínas associadas a subunidade ribossomal; 6 proteínas associadas a regulação do processo biossintético do ácido jasmônico; e 4 proteínas associadas a homeostase tecidual.

Analisando a rede PPI, a partir da Figura 10, se pode observar que assim como os dados gerais derivados do genoma, as interações foram majoritariamente determinadas experimentalmente; com exceção do mesmo conjunto de interações previstas nos dados gerais do genoma. As proteínas que compõem a rede de interação foram envolvidas nos seguintes processos biológicos: metabólicos primários, resposta ao estímulo, regulação do crescimento da planta, desenvolvimento dos tecidos e meristema da raiz, e na comunicação celular. No quinoma RNA-Seq de *J. curcas*, apenas duas RLK-LRR candidatas foram induzidas em relação ao estímulo salino, LRR-III e LRR-XII-1; no entanto, não houve interação dessas proteínas na rede em virtude, provavelmente, da ausência de homologia com proteínas de *A. thaliana*.

Figura 10. Interatoma das proteínas LRR do acesso Jc171 de *J. curcas*, gerado pela ferramenta STING, tendo por base proteínas ortólogos de *A. thaliana*. As esferas representam proteínas e as arestas as interações (rosa: experimental; preto: co-expressão; azul: co-ocorrência; lilás: homologia). Proteínas do arquivo de entrada são identificadas pelo ID “XP”. Cores das esferas representam termos GO, onde os processos biológicos estão indicados nas cores azul-escuro: processo metabólico primário; vermelho: resposta ao estímulo; verde: regulação do crescimento; amarelo: desenvolvimento do tecido; roxo: desenvolvimento do meristema da raiz; azul-claro: comunicação celular.



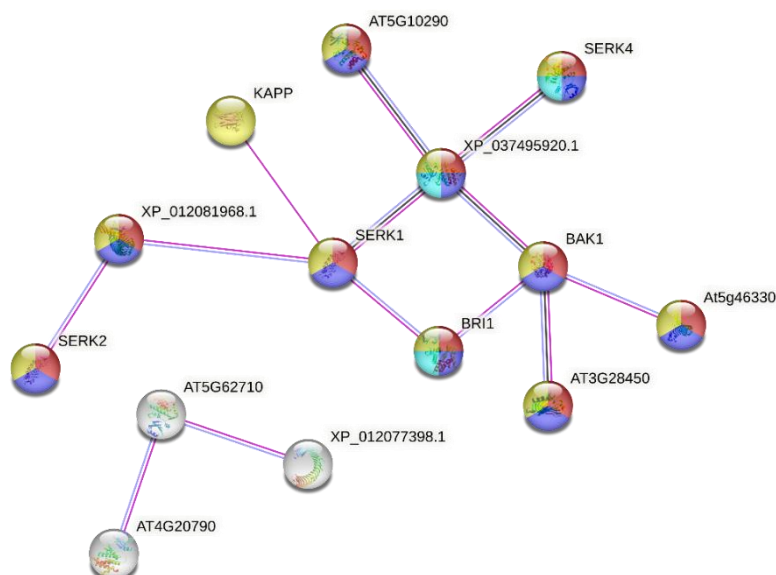
Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

Rede PPI prevista para o conjunto de RLK-LRR diferencialmente expressas no acesso Jc183, em resposta ao estímulo salino

Do conjunto de 12 proteínas RLK-LRR associadas a DEGs do acesso Jc183, submetidas ao STRING, foi prevista uma rede PPI com 22 nós e 13 arestas, obtendo uma média de nós de 1,18 e um coeficiente médio de agrupamento local de 0,36. A rede destacou 3 proteínas RLK-LRR candidatas de GDEs de Jc183, considerado *tolerante-like* na resposta ao estímulo salino. Essas proteínas formaram 2 *clusters*, onde o número de interações proteína-proteína, correspondentes a dados experimentais, co-expressão, co-ocorrência e homologia, variou de 1 a 4 (Figura 11).

A caracterização via termos GO evidenciou 13 termos enriquecidos relacionados a processos biológicos, 15 para função molecular, 2 para componente celular (Tabela suplementar 6A). Para esse conjunto de dados, não houve componentes da rede associados às vias metabólicas da plataforma KEGG. Quanto a formação de *clusters* locais, foram apontados 8 *clusters* (Tabela suplementar 6B), dentre os quais pode ser contabilizado 10 proteínas no *cluster* associado a receptor transmembrana, 6 proteínas associadas a regulação do processo biossintético do ácido jasmônico; 3 proteínas associadas a receptor quinase da embriogênese somática; e 2 associadas a detecção de estímulos brassinosteróides e regulação negativa do processo metabólico de esteróides.

Figura 11. Interatoma das proteínas LRR do acesso Jc183 de *J. curcas*, gerado pela ferramenta STING, tendo por base proteínas ortólogos de *A. thaliana*. As esferas representam proteínas e as arestas as interações (rosa: experimental; preto: co-expressão; azul: co-ocorrência; lilás: homologia). Proteínas do arquivo de entrada são identificadas pelo ID “XP”. Cores das esferas representam termos GO, onde os processos estão indicados nas cores azul-escuro: regulação dos processos biológicos; vermelho: resposta ao estímulo; azul-claro: regulação negativa da morte celular; o componente celular está indicado na cor amarela: membrana plasmática.



Fonte: Dados da Pesquisa, 2023.

Analizando a rede PPI (Figura 11), novamente as interações estabelecidas entre as proteínas foram majoritariamente determinadas experimentalmente. As proteínas que compõem a rede de interação foram associadas aos seguintes processos biológicos: regulação de processos biológicos, resposta ao estímulo, regulação negativa da morte celular. E como o único componente celular, a membrana plasmática. Pode-se destacar a presença de RLK-LRR candidatas de GDEs induzidas, de membros das subfamílias LRR-Xa (XP_037495920.1) e LRR-XI-1 (XP_012077398.1).

DISCUSSÃO

Identificação, caracterização e expressão de LRR

O grupo RLK foi o mais abundante no quinoma previsto de *J. Curcas*, e dentre as famílias que compuseram esse grupo, a mais notável em representantes foi a família LRR, com 23 diferentes subfamílias. Esse conjunto de subfamílias representou cerca de 23% do quinoma derivado do genoma da espécie (200/872), com valores similares estimados para *M. esculenta* (22%), *R. communis* (23%), e *A. thaliana* (20%).

As RLK-LRR são proteínas receptoras que abrigam o domínio quinase, o domínio transmembrana e o domínio extracelular contendo as repetições de leucina. Entretanto, a capacidade de interação com outros receptores sugere que as subfamílias LRR apresentam uma diversidade de composições de complexos receptor/co-receptor. Essa diversidade estrutural sugere diversificação de funções biológicas (XI *et al.*, 2019). Um fator relacionado a diversidade estrutural foram os diferentes padrões do número de íntrons nas subfamílias. Na amoreira (*Broussonetia papyrifera*) a variação de número de íntrons, superior até ao observado em *J. curcas*, revelou também a presença de membros sem íntrons na estrutura gênica (SU, PENG, SHEN, 2022).

Ainda, as funções desempenhadas pelas proteínas RLK-LRR podem estar relacionadas diretamente aos padrões de expressão da família em tecidos específicos da planta. Em *A. thaliana*, os genes da subfamília LRR-I frequentemente exibem níveis de expressão mais baixos nas partes aéreas, enquanto que LRR-III apresenta níveis mais altos de expressão nos tecidos reprodutivos e raíz. Os membros de uma mesma subfamília tendem a manter padrões de expressão similares, desempenhando papéis importantes na regulação do desenvolvimento desses tecidos (WU *et al.*, 2016).

Além da expressão tecido específica da LRR, há também a influência das tensões ambientais, responsáveis por induzir mecanismos de resposta que auxiliam a planta a lidar com situações que limitem seu desenvolvimento e sobrevivência. Em raízes de *J. curcas* submetidas ao estímulo salino, houve diferença qualitativa nas subfamílias expressas nos acessos Jc171 e Jc183. No acesso Jc171 detectou-se um membro das subfamílias LRR-III e LRR-XII-1, ambos previstos em membrana plasmática. No acesso Jc183 foram 4 membros da família LRR-XI-1 e um LRR-Xa, sendo apenas 1 não previsto em membrana plasmática (XP_012068112.1).

As proteínas JcRLK-LRR foram previstas, majoritariamente, na membrana plasmática, provavelmente atuando como sensores de estímulos, regulando uma variedade de processos biológicos relacionados ao desenvolvimento da planta (OU *et al.*, 2016) e respostas a estímulos abióticos (SU, PENG, SHEN, 2022). A diversidade de subfamílias LRR possibilita a formação de diferentes complexos de receptores na

membrana plasmática, expandindo a atuação dessas proteínas nas mais diversas funções (XI et al., 2019).

Em resposta a estímulos ambientais, uma proteína LRR (HSL3) em *A. thaliana* regulou o fechamento estomático e a resposta a escassez hídrica, modulando a homeostase do peróxido de hidrogênio (LIU et al., 2020). Outro membro LRR (OsSTLK) identificado em arroz, teve a superexpressão associada redução notável do vazamento de eletrólitos, do conteúdo de malondialdeído (MDA) e do acúmulo de espécies reativas de oxigênio (ERO). Sob condições de salinidade, OsSTLK regulou positivamente as atividades de eliminação de ERO e modificação do padrão estomático, conferindo tolerância ao estresse salino (LIN et al., 2020).

Os elementos *cis*-regulatórios presentes nas regiões promotoras de *J. curcas* desempenham uma função importante no processo de transcrição, interagindo com FTs, principalmente, das famílias: DOF, MIKC_MADS e ERF. Membros de tais famílias estão relacionados com a regulação da expressão de genes que atuam em processos fisiológicos, de desenvolvimento e de resposta da planta a estresses. Os fatores DOF estão envolvidos na regulação de processos que incluem fortalecimento da estrutura do caule, morte celular programada, modificação da membrana plasmática, transporte de metais e cátions (NILSEN et al., 2020), tolerância ao estresse biótico (YU et al., 2019), e tolerância a fatores abióticos limitantes, como seca (SUN et al., 2021) e salinidade (ZHOU et al., 2020).

A família de FTs MADS-box desempenha um papel importante na tolerância das plantas a fatores ambientais, e são responsivos a estresses como temperatura e alagamento (HUO et al., 2021), salinidade (GUO et al., 2016), desenvolvimento, amadurecimento e adaptação ambiental a múltiplos fatores (ZHENG et al., 2020). Os fatores ERF também pertencem a uma família multigênica envolvida na resposta a tensões ambientais, com diferentes grupos atuando na resposta a condições de seca, inundação, frio, calor e salinidade (KLAY et al., 2018). Os fatores ERF também podem modular a expressão de enzimas antioxidantes, eliminando espécies reativas de oxigênio (ERO) induzidas pela salinidade (WANG et al., 2021).

Interatoma das proteínas LRR nos acessos de *J. curcas*

Resultados envolvendo as redes PPI forneceram uma visão ampla das interações presentes no conjunto global de proteínas RLK-LRRs previstas do quinoma esperado de *J. curcas*, onde os dados sugerem uma forte atuação em processos reguladores do crescimento e desenvolvimento das plantas, bem como em mecanismos de resposta a estímulos. A expressão de genes que codificam proteínas RLK-LRRs estão vinculadas ao estabelecimento precoce de mudas, estimulando o desenvolvimento das raízes primárias e áreas foliares (XING et al., 2011). A atuação das RLK-LRRs na regulação do sistema radicular pode ocorrer em resposta a estímulos abióticos, contribuindo para a otimização da absorção de água e nutrientes do solo, característica primordial para garantir a sobrevivência das espécies vegetais a condições ambientais severas (LI et al., 2019), o que justifica a presença expressiva de genes *RLK-LRR* no genoma das espécies vegetais.

Em relação a rede PPI do acesso Jc171, considerado *sensitive-like* na resposta ao estímulo salino, foi possível observar que o conjunto de 14 proteínas evidenciado na rede pertencem às proteínas quinases LRRs reguladas negativamente. Tais proteínas

estão distribuídas em 8 subfamílias: LRR-II (2), III (2), VII-1 (1), VIII-1 (1), Xa (1), Xb-1 (2) XI-1 (3), XIIIa (1), XIIIb (1), as quais apresentam-se como multifuncionais, estando associadas a processos biológicos envolvidos tanto no crescimento e desenvolvimento da planta, quanto em sua resposta a estímulos e comunicação celular.

Na rede PPI de Jc171, a LRR-II (XP_012088120.1 - *NSP-INTERACTING KINASE 1*, NIK1) interage com o *cluster* de proteínas associadas a ribossomos, organela responsável pela síntese de proteínas. A tradução é um processo complexo e crucial para a expressão gênica, envolvendo interações entre uma variedade de moléculas de RNA e proteínas que atuam nas diferentes etapas deste processo. O controle da tradução pode ocorrer de forma global ou mRNA específica (WU *et al.*, 2023). A NIK1 atua na regulação positivamente da imunidade antiviral vegetal (LI *et al.*, 2019), mediando a regulação dos genes envolvidos na maquinaria traducional. Em plantas transgênicas de *A. thaliana*, a ativação constitutiva da NIK1 levou a supressão global do processo de tradução (ZORZATTO *et al.*, 2015).

No *cluster* de proteínas envolvidas com a via de sinalização de brassinosteróides (BIR1, BKI1, BAK1, SERK2), temos 6 subfamílias JcLRRs: II (XP_012089681), Xa (XP_012082558), Xb-1 (XP_037496577, XP_012081968), XI-1 (XP_012073772, XP_037493783). A LRR-II (*Somatic Embryogenesis Receptor-like Kinase 1*, SERK1) trata-se de uma quinase com dupla especificidade, fosforilando substratos contendo serina/treonina e tirosina (SHAH; VERVOORT; VRIES, 2001), que atua de forma redundante com SERK2, como regulador positivo da abscisão floral (SANTIAGO *et al.*, 2016), ponto de controle para o desenvolvimento esporofítico, controlando a produção de gametófitos (ALBERT *et al.*, 2005). Além disso, também está envolvida na via de sinalização de brassinosteróides (GOU *et al.*, 2012).

De acordo com estudos, SERK2 é constitutivamente expressa em vários tecidos, com maior expressão na lâmina foliar e menor na raiz. A proteína SERK2 exerce um papel importante na sinalização de hormônio brassinosteróides em arroz, possivelmente, como um coreceptor de OsBRI1 (DONG *et al.*, 2020). Brassinosteróides são fitormônios que regulam processos de alongamento celular, germinação e desenvolvimento da semente, crescimento e desenvolvimento do sistema radicular, controle de estresses bióticos e abióticos (SILVA *et al.*, 2021).

A linhagem de plantas que superexpressam SERK2 (*Oryza sativa* - Zhonghua11, ZH11) apresentaram uma frequência de sobrevivência muito maior (65%) do que as plantas mutantes (20 – 40%), sugerindo a atuação de SERK2 na regulação positiva da tolerância das plantas ao estresse salino (NaCl 200mM por 6-8 dias). A fim de testar o quão responsivo SERK2 é em relação ao sal, ZH11 foi tratada com sal e a expressão de SERK2 foi analisada em diferentes momentos. Os resultados indicaram que a expressão de SERK2 foi suprimida após 1 h de tratamento salino, esse efeito inibitório durou por volta de 24 h após indução do tratamento (DONG *et al.*, 2020). Esses resultados corroboram com os dados obtidos do RNA-Seq de *J. curcas*, no qual a LRR-II (SERK1) do acesso Jc171, encontram-se reprimida após 3h do tratamento salino.

A proteína LRR-Xb-1 (XP_037496577 - *Insensível a brassinosteroides 1*, BRI1) atua como um componente crítico de um receptor transmembrana de brassinosteroides (BAK1). O receptor BRI1 é ativado por meio da heterodimerização com a quinase BAK1 em resposta ao sinal de brassinosteroides (NAM; LI, 2004). Foi observado que linhagens de *Arabidopsis* que expressam BAK1, ao serem submetidas a alta luz, tinham o acúmulo de peróxido de hidrogênio (H₂O₂) controlado adequadamente por BAK1,

consequentemente, assegurando o crescimento e desenvolvimento apropriado das plantas (ZHANG *et al.*, 2020). Outra LRR-Xb-1 (XP_012081968 - Fitossulfocinina receptor 1, PSKR1), presente no mesmo *cluster*, integra sinais que promovem crescimento e defesa nas plantas, mediados por peptídeos sulfatados. Além disso, modula a plasticidade celular para permitir ajuste flexível a fatores ambientais impostos pelas mudanças climáticas (MOSHER *et al.*, 2013).

A LRR-Xa (XP_012082558 - Quinase serina/treonina semelhante ao receptor rico em leucina inativa, BIR2) interage de forma direta com o receptor BAK1. A partir de análises funcionais de mutantes BIR2, foi possível observar um impacto diferencial em processos regulados por BAK1, tais como hiper responsividade a padrões moleculares associados a patógenos (PAMP), aumento da morte celular e resistência a patógenos bacterianos, no entanto, sem efeito sobre o crescimento regulado por brassinosteroides. BIR2 estaria atuando como um regulador negativo da imunidade desencadeada por PAMP, limitando a formação do complexo receptor BAK1 na ausência de ligantes (HALTER *et al.*, 2014).

As duas LRR-XI-1 estão envolvidas na formação, crescimento e desenvolvimento de estruturas vegetais. A XI-1 (XP_012073772 – Proteína quinase receptora CLAVATA1, CLV1) atua na via de sinalização CLAVATA3 (CLV3), que regula o número de células meristemáticas, responsáveis pela formação e crescimento de novas estruturas vegetais. A percepção do peptídeo CLV3 requer um conjunto de proteínas: o receptor CLV1, receptor-like CLV2 e a quinase CORYNE (CRN). Acredita-se que o sinal CLV3 é percebido por um complexo tetramérico, CLV2/CRN e um homodímero CLV1 que se localizam na membrana plasmática e podem interagir via CRN (BLECKMANN *e al.*, 2010).

A segunda XI-1 (XP_037493783 - Quinase serina/treonina semelhante a receptor rico em leucina BAM1): trata-se de uma proteína semelhante à quinase CLAVATA1, atuando no meristema da parte aérea e da flor. Está envolvida no desenvolvimento foliar, controle da forma, tamanho e simetria da folha, bem como no desenvolvimento de gametófitos masculinos e femininos. Em virtude de BAM1 exercer função em múltiplas vias de desenvolvimento, é detectada alta expressão em folhas em desenvolvimento, órgãos florais, meristemas caulinares, anteras e óvulos, com a possível exceção da expressão no tecido radicular (DEYOUNG *et al.*, 2006). Por se tratar de proteínas envolvidas no crescimento e desenvolvimento da planta, é plausível que a expressão destas JcLRRs esteja sendo suprimida no acesso Jc171. Considerado um genótipo *sensitive-like* em relação ao estresse por salinidade, Jc171 tenderia a priorizar genes responsivos ao estresse, uma estratégia que visa garantir seu reestabelecimento e, consequentemente, sua sobrevivência.

Na rede PPI do acesso Jc183, considerado *tolerant-like* na resposta ao estímulo salino, apenas 3 JcLRRs foram evidenciadas, duas dessas foram induzidas e pertencem as subfamílias LRR-Xa (XP_037495920) e LRR-XI-1 (XP_012077398); enquanto que a LRR-Xb-1 (XP_012081968) se mostrou reprimida em resposta ao estímulo. Tais proteínas foram associadas a regulação de processos biológicos envolvendo crescimento vegetal e desenvolvimento dos gametófitos, resposta a estímulo e regulação negativa do processo de morte celular.

Os receptores quinase de embriogênese somática (SERK1, SERK2, SERK4) estão intimamente relacionados com proteínas e receptores da via de brassinosteroides (BAK1, BRI1, AT3G28450/BAK1-Interacting Receptor-like Kinase 2, BIR2), neste *cluster*

temos a LRR-Xa (XP_037495920 - *BAK1-Interacting Receptor-like Kinase 1*, BIR1) e as proteínas de Arabidopsis: FLS2 (AT5G46330 - *LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase FLS2*), e BIR2 (AT3G28450 - *BAK1- Interacting Receptor-like Kinase 2*, BIR2).

Estudos *in vivo* descobriram que BAK1 atua em conjunto com BIR1 regulando negativamente a morte celular e respostas de defesa da planta. A quinase BKA1 está envolvida na percepção de diferentes estímulos, sugerindo sua atuação como um coreceptor para múltiplos RLKs. Além de BAK1 participar da percepção de brassinosteróides por meio da sua associação com BIR1 (NAM; LI, 2004); esta quinase pode associar-se a FLS2. Após o reconhecimento da flagelina bacteriana o receptor FLS2 heterodimeriza com BKA1, ativando respostas de defesa da planta mediada por PAMP (GAO *et al.*, 2009).

As proteínas R são ativadas após reconhecimento de sinais efetores provenientes de patógenos, levando muitas vezes à morte celular localizada. A ativação constitutiva dessas proteínas seria prejudicial às plantas, por esse motivo, esta via de sinalização é rigorosamente controlada. BIR1 é um dos receptores que podem estar atuando na prevenção da ativação do mecanismo de resistência mediado pelas proteínas R, na ausência de efetores. A eliminação de BIR1, em Arabidopsis mutante, leva ao aumento da morte celular, ativação constitutiva de respostas de defesa e comprometimento da ativação de MPK4, um regulador negativo da sinalização das proteínas de resistência (R) (GAO *et al.*, 2009). Na ausência de BIR1, BAK1 forma um complexo ativo com SOBIR1, outra quinase que ativa vias de sinalização levando à morte celular e respostas de defesa. A BIR2, também desempenha a função de regulador negativo da imunidade das plantas, formando complexo constitutivo com BAK1 e impedindo que este interaja com FLS2. As plantas mutantes BIR2 apresentam maior resposta a padrão molecular associado a patógenos (PAMP) (LIU *et al.*, 2016).

A proteína LRR-Xa presente na rede PPI do acesso Jc183, estaria ancorada na membrana plasmática, atuando na percepção de estímulos e regulando mecanismos importantes para o desenvolvimento da planta, como o de resistência mediado por proteínas de resistência (R). LRR-Xa, além de controlar respostas de defesa da planta, também atua na regulação negativa da morte celular. As proteínas RLK-LRR atuam de forma efetiva na resposta da planta a estímulos, desempenhando um papel crucial na ativação de mecanismos de defesa, ocorrendo a percepção do estímulo seguido de medidas adaptativas a nível molecular, bioquímico e fisiológico (SOLTABAYEVAET *et al.*, 2022).

CONCLUSÃO

A presença expressiva de LRR no quinoma de *J. curcas*, com tamanha variação de subfamílias, ressalta a importância de se documentar a diversidade estrutural e funcional dessas proteínas, a fim de ampliar o conhecimento e, assim, compreender melhor o seu papel no desenvolvimento das plantas e tolerância a mudanças climáticas. Essa compreensão pode proporcionar contribuições importantes para a biotecnologia agrícola, possibilitando o desenvolvimento de culturas com maior adaptação às mudanças climáticas enfrentadas em todo o globo, principalmente, nas regiões semiáridas afetadas pela disponibilidade reduzida de recursos hídricos, e solos enfrentando o processo de salinização e erosão. Dessa forma, nossos resultados ressaltam a importância das proteínas quinase LRR para estabelecimento da planta,

resposta ao estresse salino e controle de mecanismos de defesa, elencando essa família como uma fonte em potencial para estudo e aplicação no melhoramento vegetal.

REFERÊNCIAS

- ALBRECHT, C. *et al.* The *Arabidopsis thaliana* SOMATIC EMBRYOGENESIS RECEPTOR-LIKE KINASES1 and 2 control male sporogenesis. **The Plant Cell**, v. 17, n. 12, p. 3337-3349, 2005.
- BAILEY, T. L. *et al.* The MEME suite. **Nucleic acids research**, v. 43, n. 1, p. 39-49, 2015.
- BLECKMANN, A. *et al.* Stem cell signaling in *Arabidopsis* requires CRN to localize CLV2 to the plasma membrane. **Plant physiology**, v. 152, n. 1, p. 166-176, 2010.
- CHO, H.; LEE, J.; OH, E. Leucine-Rich Repeat Receptor-Like Proteins in Plants: Structure, Function, and Signaling. **Journal of Plant Biology**, v. 66, n. 2, p. 99-107, 2023.
- CORTE-REAL, N. *et al.* Tolerance to salinity in *Jatropha curcas* are genotype dependent. **Brazilian Journal of Development**, v. 5, n. 10, p. 22169-22199, 2019.
- DEYOUNG, B. J. *et al.* The CLAVATA1-related BAM1, BAM2 and BAM3 receptor kinase-like proteins are required for meristem function in *Arabidopsis*. **The Plant Journal**, v. 45, n. 1, p. 1-16, 2006.
- DIEVART, A. *et al.* Origin and diversity of plant receptor-like kinases. **Annual Review of Plant Biology**, v. 71, p. 131-156, 2020.
- DONG, N. *et al.* Regulation of brassinosteroid signaling and salt resistance by SERK2 and potential utilization for crop improvement in rice. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, p. 621859, 2020.
- FENG, J. *et al.* TaSnRK2.9, a Sucrose Non-fermenting 1-Related Protein Kinase Gene, Positively Regulates Plant Response to Drought and Salt Stress in Transgenic Tobacco. **Frontiers in plant Science**, v. 9, n. 2003, 2019.
- GAO, M. *et al.* Regulation of cell death and innate immunity by two receptor-like kinases in *Arabidopsis*. **Cell host & microbe**, v. 6, n. 1, p. 34-44, 2009.
- GISH, L. A.; CLARK, S. E. The RLK/Pelle family of kinases. **The Plant Journal**, v. 66, n. 1, p. 117-127, 2011.
- GOU, X. *et al.* Genetic evidence for an indispensable role of somatic embryogenesis receptor kinases in brassinosteroid signaling. **PLoS genetics**, v. 8, n. 1, p. e1002452, 2012.
- GUO, X. *et al.* *Solanum lycopersicum* agamous-like MADS-box protein AGL15-like gene, SIMBP11, confers salt stress tolerance. **Molecular Breeding**, v. 36, p. 1-15, 2016.
- GUPTA, S. *et al.* Quantifying similarity between motifs. **Genome biology**, v. 8, n. 2, p. 1-9, 2007.
- HALTER, T. *et al.* The leucine-rich repeat receptor kinase BIR2 is a negative regulator of BAK1 in plant immunity. **Current Biology**, v. 24, n. 2, p. 134-143, 2014.

HILLER, K. *et al.* JVirGel 2.0: computational prediction of proteomes separated via two-dimensional gel electrophoresis under consideration of membrane and secreted proteins. **Bioinformatics**, v. 22, n. 19, p. 2441-2443, 2006.

HUO, S. *et al.* Genome-wide analysis of the MADS-box gene family in *Rhododendron hainanense* Merr. and expression analysis under heat and waterlogging stresses. **Industrial Crops and Products**, v. 172, p. 114007, 2021.

KLAY, I. *et al.* Ethylene Response Factors (ERF) are differentially regulated by different abiotic stress types in tomato plants. **Plant science**, v. 274, p. 137-145, 2018.

LARKIN, M. A. *et al.* Clustal W and Clustal X version 2.0. **Bioinformatics**, v. 23, n. 21, p. 2947-2948, 2007.

LEHTI-SHIU, M. D.; SHIU, S. Diversity, classification and function of the plant protein kinase superfamily. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 367, n. 1602, p. 2619-2639, 2012.

LI, B. *et al.* The receptor-like kinase NIK1 targets FLS2/BAK1 immune complex and inversely modulates antiviral and antibacterial immunity. **Nature communications**, v. 10, n. 1, p. 4996, 2019.

LIN, F. *et al.* A leucine-rich repeat receptor-like kinase, OsSTLK, modulates salt tolerance in rice. **Plant Science**, v. 296, p. 110465, 2020.

LIU, X. S. *et al.* The LRR-RLK protein HSL3 regulates stomatal closure and the drought stress response by modulating hydrogen peroxide homeostasis. **Frontiers in Plant Science**, v. 11, p. 548034, 2020.

LIU, Y. *et al.* Loss-of-function of Arabidopsis receptor-like kinase BIR 1 activates cell death and defense responses mediated by BAK 1 and SOBIR 1. **New Phytologist**, v. 212, n. 3, p. 637-645, 2016.

MIZOI, J.; SHINOZAKI, K.; YAMAGUCHI-SHINOZAKI, K. AP2/ERF family transcription factors in plant abiotic stress responses. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Regulatory Mechanisms**, v. 1819, n. 2, p. 86-96, 2012.

MOSHER, S.; KEMMERLING, B. PSKR1 and PSY1R-mediated regulation of plant defense responses. **Plant Signaling & Behavior**, v. 8, n. 5, p. e24119, 2013.

NAM, K. H.; LI, J. The Arabidopsis transthyretin-like protein is a potential substrate of BRASSINOSTEROID-INSENSITIVE 1. **The Plant Cell**, v. 16, n. 9, p. 2406-2417, 2004.

NILSEN, K. T. *et al.* Copy number variation of TdDof controls solid-stemmed architecture in wheat. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 117, n. 46, p. 28708-28718, 2020.

OSAKABE, Y. *et al.* Sensing the environment: key roles of membrane-localized kinases in plant perception and response to abiotic stress. **Journal of experimental botany**, v. 64, n. 2, p. 445-458, 2013.

OU, Y. *et al.* RGF1 INSENSITIVE 1 to 5, a group of LRR receptor-like kinases, are essential for the perception of root meristem growth factor 1 in *Arabidopsis thaliana*. **Cell research**, v. 26, n. 6, p. 686-698, 2016.

PANDEY, V. C. *et al.* *Jatropha curcas*: A potential biofuel plant for sustainable environmental development. **Renewable and Sustainable Energy Reviews**, v. 16, n. 5, p. 2870–2883, 2012.

RASTOGI, A.; GUPTA, D. GFF-Ex: a genome feature extraction package. **BMC research notes**, v. 7, n. 1, p. 1-3, 2014.

SAITOU, N.; NEI, M. The neighbor-joining method: a new method for reconstructing phylogenetic trees. **Molecular biology and evolution**, v. 4, n. 4, p. 406-425, 1987.

SANTIAGO, J. *et al.* Mechanistic insight into a peptide hormone signaling complex mediating floral organ abscission. **Elife**, v. 5, p. e15075, 2016.

SILVA, B. V. *et al.* Proteínas quinases: características estruturais e inibidores químicos. **Química Nova**, v. 32, n. 2, p. 453-462, 2009.

SILVA, J. B.; ESPÍNDOLA, J. S.; ESPÍNDOLA, T. K. A. Brassinosteroids: characterization and influence on plant growth and development. **Campo digit**, p. e021001-e021001, 2021.

SHAH, K.; VERVOORT, J.; DE VRIES, S. C. Role of threonines in the *Arabidopsis thaliana* somatic embryogenesis receptor kinase 1 activation loop in phosphorylation. **Journal of Biological Chemistry**, v. 276, n. 44, p. 41263-41269, 2001.

SHAO, Y. *et al.* Overexpression of a protein kinase gene MpSnRK2.10 from *Malus prunifolia* confers tolerance to drought stress in transgenic *Arabidopsis thaliana* and apple. **Gene**, v. 692, p. 26-34, 2019.

SOLTABAYEVA, A. *et al.* Receptor-like Kinases (LRR-RLKs) in response of plants to biotic and abiotic stresses. **Plants**, v. 11, n. 19, p. 2660, 2022.

SU, Y.; PENG, X.; SHEN, S. Identification of leucine-rich repeat receptor-like protein kinase (LRR-RLK) genes in paper mulberry and their potential roles in response to cold stress. **Computational Biology and Chemistry**, v. 97, p. 107622, 2022.

SUN, S. *et al.* Genome-wide analysis of BpDof genes and the tolerance to drought stress in birch (*Betula platyphylla*). **PeerJ**, v.9, p. e11938, 2021.

SZKLARCZYK, D. *et al.* STRING v10: protein–protein interaction networks, integrated over the tree of life. **Nucleic acids research**, v. 43, n. D1, p. D447-D452, 2015.

UBERSAX, J. A.; FERRELL, J. E. JR. Mechanisms of specificity in protein phosphorylation. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, v. 8, n. 7, p. 530- 541, 2007.

WANG, D. *et al.* The key regulator LcERF056 enhances salt tolerance by modulating reactive oxygen species-related genes in *Lotus corniculatus*. **BMC plant biology**, v. 21, n. 1, p. 1-13, 2021.

WU, H. L.; JEN, J.; HSU, P. Y. What, where, and how: Regulation of translation and the translational landscape in plants. **The Plant Cell**, p. koad197, 2023.

WU, Y. *et al.* Genome-wide expression pattern analyses of the *Arabidopsis* leucine-rich repeat receptor-like kinases. **Molecular plant**, v. 9, n. 2, p. 289-300, 2016.

XI, L. *et al.* Classification and interactions of LRR receptors and co-receptors within the *Arabidopsis* plasma membrane—an overview. **Frontiers in plant science**, v. 10, p. 472, 2019.

XING, H. T. *et al.* PdERECTA, a leucine-rich repeat receptor-like kinase of poplar, confers enhanced water use efficiency in *Arabidopsis*. **Planta**, v. 234, n. 2, p. 229-241, 2011.

XU, J. *et al.* A reliable and efficient method for total RNA isolation from various members of spurge family (Euphorbiaceae). **Phytochemical Analysis**, v. 21, n. 5, p. 395-398, 2010.

YAQOOB, H. *et al.* *Jatropha curcas* biodiesel: A lucrative recipe for Pakistan's energy sector. **Processes**, v. 9, n. 7, p. 1129, 2021.

YU, C. *et al.* Prediction of protein subcellular localization. **Proteins: Structure, Function, and Bioinformatics**, v. 64, n. 3, p. 643-651, 2006.

YU, C. *et al.* A strategy for evaluating pathway analysis methods. **BMC bioinformatics**, v. 18, n. 1, p. 1-11, 2017.

YU, Y. H. *et al.* Grape (*Vitis vinifera*) VvDOF3 functions as a transcription activator and enhances powdery mildew resistance. **Plant Physiology and Biochemistry**, v. 143, p. 183–189, 2019.

ZHANG, S. *et al.* BAK1 mediates light intensity to phosphorylate and activate catalases to regulate plant growth and development. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 21, n. 4, p. 1437, 2020.

ZHENG, Y; *et al.* iTAK: a program for genome-wide prediction and classification of plant transcription factors, transcriptional regulators, and protein kinases. **Molecular plant**, v. 9, 2016.

ZHENG, Y. *et al.* Characteristics of banana B genome MADS-box family demonstrate their roles in fruit development, ripening, and stress. **Scientific Reports**, v. 10, n. 1, p. 20840, 2020.

ZHOU, Y. *et al.* Genome-wide characterization and expression analysis of the Dof gene family related to abiotic stress in watermelon. **PeerJ**, v. 8, p. e8358, 2020.

ZORZATTO, C. *et al.* NIK1-mediated translation suppression functions as a plant antiviral immunity mechanism. **Nature**, v. 520, n. 7549, p. 679-682, 2015.

5. CONCLUSÕES

A análise do quinoma de *Jatropha curcas* revela a complexidade e a diversidade das proteínas quinase (JcPK), com ênfase nas subfamílias LRR, que desempenham papéis fundamentais na resposta ao estresse abiótico, especialmente em condições de salinidade. Os dados obtidos, incluindo a expressão diferencial dos acessos Jc183 e Jc171, indicam estratégias variadas de adaptação, sugerindo que a regulação desses genes é essencial para a sobrevivência em ambientes adversos. A identificação de elementos regulatórios e fatores de transcrição associados abre novas possibilidades para intervenções biotecnológicas, visando o desenvolvimento de culturas mais resilientes em face das mudanças climáticas e escassez de recursos hídricos. Assim, este estudo não só contribui para a compreensão dos mecanismos de defesa das plantas, mas também estabelece uma base promissora para futuras pesquisas e aplicações no melhoramento vegetal, especialmente em regiões semiáridas e afetadas pela salinização do solo.

6. SÚMULA CURRICULAR

Produção relativa ao período (2019-2023)

- Organização do e-book *Aqui Se Faz Ciência: pesquisas desenvolvidas em Universidades Federais e suas aplicabilidades para a sociedade*. Editora Espaço Acadêmico, 2020. ISBN 978-65-00-06195-6.
- Revisora do capítulo de livro intitulado “Sistematização da assistência de enfermagem na parada cardiorrespiratória: um relato de experiência”. Editora Omnis Scientia, 2021. ISBN 978-65-88958.
- Capítulos de livros publicados:
 - SILVA, E. C.; SILVA, C. A. O.; **ARAUJO, F. N.**; SANTI-GADELHA, T.; GADELHA, C. A. A. Obtenção do Extrato Bruto de Bactérias Lácticas Isoladas de Queijo de Coalho e Atividade Antibacteriana utilizando diferentes indicadores bacterianos. In: Isaac Araújo Gomes. (Org.). *Ensaio Interdisciplinares em Ciências Agrárias no Nordeste do Brasil*. 1ed. Ananindeua - PA: Editora Itacaiúnas, p. 334-348, 2019.
 - OLIVEIRA, E. J. S.; **ARAUJO, F. N.** ; KIDO, E. A. Gene Osmoprotetores e potenciais aplicações biotecnológicas na transgenia de plantas. In: Marta Jeidjane Borges Ribeiro. (Org.). *Estudos Científicos e Tecnológicos em Biotecnologia*. 2ed. Aracaju: Backup Books Editora, p. 81-102, 2020.
 - **ARAUJO, F. N.**; KIDO, E. A. Estudos de genes para o melhoramento vegetal. In: Laísa Vilar Cordeiro. (Org.). *Aqui se Faz Ciência: pesquisas desenvolvidas em Universidades Federais e suas aplicabilidades para a sociedade*. Goiânia: Editora Espaço Acadêmico, p. 33-34, 2020.
 - **ARAUJO, F. N.**; OLIVEIRA, E. J. S.; KIDO, E. A. Otimizando a tolerância das plantas aos estresses abióticos pela ação das proteínas quinases. In: Allívia Rouse Carregosa Rabbani, Jonas Pedro Fabris. (Org.). *Desafios Ambientais e Culturas Agrícolas*. Aracaju: Backup Books Editora, p. 121-142, 2021.
 - OLIVEIRA, E. J. S.; SANTOS, V.E.; **ARAUJO, F.N.**; SILVA-JUNIOR, W. J.; KIDO, E. A. Caracterização estrutural e análise da expressão *in silico* de serina hidroximetiltransferase (shmt) em *Jatropha curcas* sob salinidade. In: *Pesquisas e avanços em Genética e Biologia Molecular*. Jardim do Seridó - RN: Agro Science, 2023.
- Artigos publicados em colaboração com outros pesquisadores:
 - LEITE, L. F. M.; RODRIGUES, A. R. S.; COSTA, M. M.; **ARAUJO, F. N.**; DANTAS, V. M. C.; SOUSA, A. P. Assistência à saúde da mulher em zonas rurais do Brasil: revisão de literatura. *REVISTA COOPEX*, v. 10, p. 1, 2019.
 - MELO, V. P.; BARBOZA, J. P.; DANTAS, T. M.; DANTAS, V. M. C.; **ARAUJO, F. N.**; SOUSA, A. P. Práticas integrativas e complementares: prevenção e tratamento na atenção básica de saúde. *REVISTA COOPEX*, v. 10, p. 1, 2019.

- BATISTA, A. S. L.; **ARAUJO, F. N.**; DANTAS, V. M. C.; CORDEIRO, L. V.; BARRETO, C. C. M.; SOUSA, A. P. A importância do Pré-Natal na gestante com infecção urinária. REVISTA COOPEX, v. 10, p. 01-18, 2019.
- DANTAS, T. M.; CORDEIRO, A. S. R.; MELO, V. P.; DANTAS, V. M. C.; **ARAUJO, F. N.**; SOUSA, A. P. Aspectos gerais da hanseníase: atualização sobre o agente etiológico e tratamento. REVISTA COOPEX, v. 10, p. 1, 2019.
- SILVA, M. D. A.; OLIVEIRA, P. A. P.; **ARAUJO, F. N.**; CORDEIRO, L. V.; DANTAS, V. M. C.; SOUSA, A. P. O cuidado da enfermagem na assistência aos pacientes com epilepsia. REVISTA COOPEX, v. 10, p. 1, 2019.
- BARBOSA, P. P. S.; **ARAUJO, F. N.**; ALMEIDA, J. M.; SANTI-GADELHA, T. Leguminosae Lectins as Biological Tools in Medical Research: a Review. BRAZILIAN ARCHIVES OF BIOLOGY AND TECHNOLOGY, v. 64, p. 1-13, 2021.
- SILVA, N. R. G.; **ARAUJO, F. N.**. Antibacterial activity of plant lectins: a review. Brazilian Archives Of Biology And Technology, 2021.
- Participação como avaliadora:
 - Congresso Internacional de Saúde e Meio Ambiente. 2019.
 - Congresso Internacional de Saúde e Meio Ambiente. 2020.
 - Participação em banca examinadora da aluna Juliana Roberta Muniz de Oliveira. Predição de fatores de transcrição associados a genes induzidos da resposta transcriptômica de *Jatropha curcas* L. à salinidade. 2021. Trabalho de Conclusão de Curso (Graduação em Ciências Biológicas) - Universidade Federal de Pernambuco.
- Minicursos realizados:
 - Banco de Dados (2020).
 - Desenho de primers (2020).
 - Modelagem de Proteínas (2020).

7. REFERÊNCIAS

- ABDELGADIR, H. A.; VAN STADEN, J. Ethnobotany, ethnopharmacology and toxicity of *Jatropha curcas* L. (Euphorbiaceae): A review. **South African Journal of Botany**, v. 88, p. 204-218, 2013.
- ABRIL, A. O.; MOLINA, A. C. Bioinformática como recurso educativo: Proyecto de ingeniería. **Edmetec**, v. 7, n. 1, p. 174-195, 2018.
- ACOSTA-MOTOS, J. R. *et al.* Plant responses to salt stress: adaptive mechanisms. **Agronomy**, v. 7, n. 1, p. 18, 2017.
- ADAMS, M. D. *et al.* Complementary DNA sequencing: expressed sequence tags and human genome project. **Science**, v. 252, n. 5013, p. 1651-1656, 1991.
- ALI, A.; YUN, D. Salt stress tolerance; what do we learn from halophytes? **Journal of Plant Biology**, v. 60, n. 5, p. 431-439, 2017.
- ALVES, J. M. A. *et al.* Pinhão-mansão: uma alternativa para produção de biodiesel na agricultura familiar da Amazônia brasileira. **Revista Agroambiente on-line**, v. 2, n. 1, p. 57-68, 2008.
- ALVES JÚNIOR, J. *et al.* Distribuição espacial do sistema radicular de plantas de pinhão manso. **Revista Agrotecnologia**, v. 5, n. 1, p. 50 - 61, 2014.
- ASENSI-FABADO, M. A.; AMTMANN, A.; PERRELLA, G. Plant responses to abiotic stress: the chromatin context of transcriptional regulation. **Biochimica et Biophysica Acta (BBA)-Gene Regulatory Mechanisms**, v. 1860, n. 1, p. 106- 122, 2017.
- BLÄTKE, M.A.; SZYMANSKI, J. J.; GLADILIN, E.; SCHOLZ, U.; BEIER, S. Editorial: Advances in Applied Bioinformatics in Crops. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 2021.
- BHARGAVA, S.; SAWANT, K. Drought stress adaptation: metabolic adjustment and regulation of gene expression. **Plant breeding**, v. 132, n. 1, p. 21-32, 2013.
- BRANCO, I.; CHOUPINA, A. Bioinformatics: new tools and applications in life science and personalized medicine. **Applied Microbiology and Biotechnology**, v. 105, p. 937-951, 2021.
- BOJAR, D. *et al.* Crystal structures of the phosphorylated BRI1 kinase domain and implications for brassinosteroid signal initiation. **The Plant Journal**, v. 78, n. 1, p. 31-43, 2014.
- BUNDÓ, M.; COCA, M. Calcium-dependent protein kinase OsCPK10 mediates both drought tolerance and blast disease resistance in rice plants. **Journal of Experimental Botany**, v. 68, n. 11, p. 2963–2975, 2017.
- BRITO, C. D. *et al.* Morphophysiological profile of *Jatropha curcas* L. fruits and seeds maturation. **Semina: Ciências Agrárias**, v. 36, n. 6, p. 3615-3628, 2015.
- CORTE-REAL, N. *et al.* Tolerance to salinity in *Jatropha curcas* are genotype dependent. **Brazilian Journal of Development**, v. 5, n. 10, p. 22169-22199, 2019.

- COSTA, F. R. *et al.* Avaliação do sistema radicular de pinhão manso em diferentes níveis de irrigação localizada. **Revista Eletrônica Faculdade Montes Belos**, v. 9, n. 1, 2015.
- CHAKRABORTY, S. *et al.* Plant leucine-rich repeat receptor kinase (LRR-RK): structure, ligand perception, and activation mechanism. **Molecules**, v. 24, n. 17, p. 3081, 2019.
- CHAVES, M. M.; FLEXAS, J.; PINHEIRO, C. Photosynthesis under drought and salt stress: regulation mechanisms from whole plant to cell. **Annals of botany**, v. 103, n. 4, p. 551-560, 2009.
- CHAUHAN, N. *et al.* Insecticidal activity of *Jatropha curcas* extracts against housefly, *Musca domestica*. **Environmental Science and Pollution Research**, v. 22, p. 14793-14800, 2015.
- CHEN, F. *et al.* The sequenced angiosperm genomes and genome databases. **Frontiers in plant science**, v. 9, p. 418, 2018.
- CHEN, X. *et al.* Protein kinases in plant responses to drought, salt, and cold stress. **Journal of integrative plant biology**, v. 63, n. 1, p. 53-78, 2021.
- DALCHIAVON, F. C. *et al.* Características agronômicas das sementes e dos frutos de pinhão-manso no município de Tangará da Serra, MT. **Revista de Ciências Agro-Ambientais**, v. 8, n. 01, p. 95-101, 2010.
- D'AGOSTINI, S. *et al.* Ciclo econômico da borracha–seringueira *Hevea brasiliensis* (HBK) M. Arg. **Páginas do Instituto Biológico**, v. 70, n. 2, p. 205- 206, 2003.
- DAYHOFF, M. O.; LEDLEY, R. S. Comproteín: a computer program to aid primary protein structure determination. *In*: Proceedings of the December 4-6, 1962, **fall joint computer conference**. 1962. p. 262-274.
- DEBNATH, Mousumi; BISEN, P. S. *Jatropha curcas* L., a multipurpose stress resistant plant with a potential for ethnomedicine and renewable energy. **Current pharmaceutical biotechnology**, v. 9, n. 4, p. 288-306, 2008.
- DIAS, N. S.; BLANCO, F. F. Efeitos dos sais no solo e na planta. 2010.
- DRUMOND, M. A.; ARRUDA, F. P.; DOS ANJOS, J. B. **PINHÃO-MANSO - *Jatropha curcas* L.** Embrapa Semiárido, Petrolina-PE, 2008.
- DUGGAN, D. J. *et al.* Expression profiling using cDNA microarrays. **Nature genetics**, v. 21, n. 1, p. 10-14, 1999.
- ELIMIAN, H.; EZE, G. Evaluation of the wound healing effects of *Jatropha curcas* latex on intact and wounded skin in wistar rats. **Journal of Experimental and Clinical Anatomy**, v. 18, n. 1, p. 63-63, 2019.
- EWUNIE, G. A. *et al.* Factors affecting the potential of *Jatropha curcas* for sustainable biodiesel production: A critical review. **Renewable and Sustainable Energy Reviews**, v. 137, p. 110500, 2021.

FAO, IT S. Status of the world's soil resources (SWSR)—main report. **Food and agriculture organization of the United Nations and intergovernmental technical panel on soils**, Rome, Italy, v. 650, 2015.

FERREIRA-NETO, J. R. C. *et al.* The cowpea kinome: genomic and transcriptomic analysis under biotic and abiotic stresses. **Frontiers in Plant Science**, v. 12, 2021.

FERREIRA, O. J. M. *et al.* Root System of *Jatropha curcas* Provides Resistance and Strength to the Soil. **Communications in Soil Science and Plant Analysis**, v. 53, n. 22, p. 2955-2967, 2022.

FRANCIS, G.; EDINGER, R.; BECKER, K. A concept for simultaneous wasteland reclamation, fuel production, and socio-economic development in degraded areas in India: Need, potential and perspectives of *Jatropha* plantations. **Natural resources forum**, p. 12-24, 2005.

GAUTHIER, J.; VINCENT, A. T.; CHARETTE, S. J.; DEROME, N. A brief history of bioinformatics. **Briefings in Bioinformatics**, v. 20, n. 6, p. 1981-1996, 2019.

GENIZA, M.; JAISWAL, P. Tools for building de novo transcriptome assembly. **Current Plant Biology**, v. 11, p. 41-45, 2017.

GANI, A. M.; GALLO, G. R.; GIANFRANCESCHI, L.; FORMENTI, G. Long walk to genomics: History and current approaches to genome sequencing and assembly. **Computational and Structural Biotechnology Journal**, v. 18, p. 9-19, 2020.

GILLIHAM, M.; ABLE, J. A.; ROY, S. J. Translating knowledge about abiotic stress tolerance to breeding programmes. **The Plant Journal**, v. 90, n. 5, p. 898-917, 2017.

GOU, X; *et al.* Genome-wide cloning and sequence analysis of leucine-rich repeat receptor-like protein kinase genes in *Arabidopsis thaliana*. **BMC genomics**, v. 11, n. 1, p. 1-15, 2010.

GOWDA, S.; PILLAY, D. TN. Cyclic AMP independent protein kinases from soybean cotyledons (*Glycine max*, L.). **Plant Science Letters**, v. 25, n. 1, p. 49-59, 1982.

HANKS, S. K. Genomic analysis of the eukaryotic protein kinase superfamily: a perspective. **Genome biology**, v. 4, p. 1-7, 2003.

HELLER, J. Physic nut, *Jatropha curcas* L. **Bioversity International**, 1996.

INGLE, K. P. *et al.* Screening of insecticidal activity of *Jatropha curcas* (L.) against diamond back moth and *Helicoverpa armigera*. **Seed**, v. 5, n. 80, p. 20, 2017.

ISLAM, A. K. M. A.; YAAKOB, Z.; ANUAR, N. *Jatropha*: A multipurpose plant with considerable potential for the tropics. **Scientific Research and Essays**, v. 6, n. 13, p. 2597-2605, 2011.

JALALI, S. *et al.* Exploitation of Hi-C sequencing for improvement of genome assembly and in-vitro validation of differentially expressing genes in *Jatropha curcas* L. **3 Biotech**, v. 10, n. 3, p. 1-9, 2020.

- KANCHARLA, N. *et al.* De novo sequencing and hybrid assembly of the biofuel crop *Jatropha curcas* L.: identification of quantitative trait loci for geminivirus resistance. **Genes**, v. 10, n. 1, p. 69, 2019.
- KEATES, R. A. B. Cyclic nucleotide-independent protein kinase from pea shoots. **Biochemical and biophysical research communications**, v. 54, n. 2, p. 655-661, 1973.
- KUMAR, A.; SHARMA, S. An evaluation of multipurpose oil seed crop for industrial uses (*Jatropha curcas* L.): a review. **Industrial crops and products**, v. 28, n. 1, p. 1-10, 2008.
- KUMAR, G. R. K.; BAPAT, V. A.; JOHNSON, T. S. Phorbol Esters and Other Toxic Constituents of *Jatropha curcas* L. In: CARELS, N.; SUJATHA, M.; BAHADUR, B. (Eds.). **Jatropha, Challenges for a New Energy Crop**, v.1, p. 441–460, 2012.
- KUMAR, P.; SRIVASTAVA, V. C.; JHA, M. K. *Jatropha curcas* phytotomy and applications: Development as a potential biofuel plant through biotechnological advancements. **Renewable and sustainable energy reviews**, v. 59, p. 818- 838, 2016.
- LAVIOLA, B. G. *et al.* Establishment of new strategies to quantify and increase the variability in the Brazilian *Jatropha* genotypes. **Industrial Crops and Products**, v. 117, p. 216-223, 2018.
- LEMÕES, J. C. *et al.* Determinação do teor de óleo e perfil graxo de acessos de pinhão-mansão da Embrapa Clima Temperado. In: **II Congresso Brasileiro de Pesquisas de Pinhão Manso, Brasília-DF**. 2011.
- LEUNG, K. M. Joining the dots between omics and environmental management. **Integrated environmental assessment and management**, v. 14, n. 2, p. 169-173, 2018.
- LUCENA, A. M. A. *et al.* Características morfológicas de peças reprodutivas de acessos de *Jatropha curcas* L. **Scientia Plena**, v. 10, n. 4 (a), 2014.
- LIN, H. *et al.* Phosphorylation of SOS3-LIKE CALCIUM BINDING PROTEIN8 by SOS2 protein kinase stabilizes their protein complex and regulates salt tolerance in Arabidopsis. **The Plant Cell**, v. 21, n. 5, p. 1607-1619, 2009.
- LIU, H. *et al.* The wild strawberry kinome: identification, classification and transcript profiling of protein kinases during development and in response to gray mold infection **BMC genomics**, v. 21, n. 1, p. 1-14, 2020.
- LEHTI-SHIU, M. D.; SHIU, S. Diversity, classification and function of the plant protein kinase superfamily. **Philosophical Transactions of the Royal Society B: Biological Sciences**, v. 367, n. 1602, p. 2619-2639, 2012.
- MANSOUR, M. M. F.; SALAMA, K. H. A. Cellular mechanisms of plant salt tolerance. **Microorganisms in saline environments: strategies and functions**, p. 169-210, 2019.
- MANNING, G. *et al.* Evolution of protein kinase signaling from yeast to man. **Trends in biochemical sciences**, v. 27, n. 10, p. 514-520, 2002.

- MARCHANT, A. *et al.* Comparing de novo and reference-based transcriptome assembly strategies by applying them to the blood-sucking bug *Rhodnius prolixus*. **Insect biochemistry and molecular biology**, v. 69, p. 25-33, 2016.
- MARTIN, J. A.; WANG, Z. Next-generation transcriptome assembly. **Nature Reviews Genetics**, v. 12, n. 10, p. 671-682, 2011.
- MARTÍNEZ-HERRERA, J. *et al.* Chemical composition, toxic/antimetabolic constituents, and effects of different treatments on their levels, in four provenances of *Jatropha curcas* L. from Mexico. **Food chemistry**, v. 96, n. 1, p. 80-89, 2006.
- MARRUGO-NEGRETE, J. *et al.* Mercury uptake and effects on growth in *Jatropha curcas*. **Journal of Environmental Sciences**, v. 48, p. 120-125, 2016.
- MENON, S.; LUI, V. C. H.; TAM, P. K. H. Bioinformatics tools and methods to analyze single cell RNA sequencing data. **International Journal of Innovative Science and Research Technology**, v. 6, n. 8, p. 282-288, 2021.
- MILLER, G. A. D. *et al.* Reactive oxygen species homeostasis and signalling during drought and salinity stresses. **Plant, cell & environment**, v. 33, n. 4, p. 453-467, 2010.
- MIRANDA, R. P.; DIAS, H. M. Transcriptômica – do Planejamento Experimental à Análise dos Resultados. **Laboratório de Fisiologia Vegetal**, p. 201, 2021.
- MORTAZAVI, A. *et al.* Mapping and quantifying mammalian transcriptomes by RNA-Seq. **Nature methods**, v. 5, n. 7, p. 621-628, 2008.
- NEGRÃO, S.; SCHMÖCKEL, S. M.; TESTER, M. Evaluating physiological responses of plants to salinity stress. **Annals of botany**, v. 119, n. 1, p. 1-11, 2017.
- NIE, L. Z. *et al.* Enhanced drought and osmotic stress tolerance in transgenic potato plants expressing AtCDPK1, a calcium-dependent protein kinase. **Russian Journal of Plant Physiology**, v. 65, n. 6, p. 865-873, 2018.
- NUNES, C. F. *et al.* Morfologia externa de frutos, sementes e plântulas de pinhão-mansão. **Pesquisa Agropecuária Brasileira**, v. 44, p. 207-210, 2009.
- OPENSHAW, K. A review of *Jatropha curcas*: an oil plant of unfulfilled promise. **Biomass and bioenergy**, v. 19, n. 1, p. 1-15, 2000.
- OSKOEI, E. *et al.* Antioxidant, anti-inflammatory and anticancer activities of methanolic extracts from *Jatropha curcas* Linn. **Journal of Medicinal Plants Research**, v. 5, n. 1, p. 49-57, 2011.
- PACHECO, C. *et al.* Pesquisa translacional na era pós-genômica: avanços na área da transcriptômica. **Saúde em Debate**, v. 43, p. 169-180, 2020.
- PANDEY, V. C. *et al.* *Jatropha curcas*: A potential biofuel plant for sustainable environmental development. **Renewable and Sustainable Energy Reviews**, v. 16, n. 5, p. 2870-2883, 2012.
- PASSRICHA, N. *et al.* Rice lectin receptor-like kinase provides salinity tolerance by ion homeostasis. **Biotechnology and Bioengineering**, v. 117, n. 2, p. 498-510, 2020.

- PEIXOTO, A. R. **Plantas oleaginosas arbóreas**. São Paulo: Nobel, p. 284, 1973.
- PESSOA, A. M. S. *et al.* Caracterização Floral. In: SILVA-MANN, R. *et al.* (org). **Pensando a biodiversidade: pinhão-mansão (*Jatropha curcas* L.)**. Porto Seguro (BA): UFSB, 2018.
- QIN, X. *et al.* ABC1K10a, an atypical kinase, functions in plant salt stress tolerance. **BMC Plant Biology**, v. 20, p. 1-13, 2020.
- QUINTERO, F. J. *et al.* Activation of the plasma membrane Na/H antiporter Salt-Overly-Sensitive 1 (SOS1) by phosphorylation of an auto-inhibitory C-terminal domain. **Proceedings of the National Academy of Sciences**, v. 108, n. 6, p. 2611-2616, 2011.
- RAHU, M. I. *et al.* Determination of antimicrobial and phytochemical compounds of *Jatropha curcas* plant. **Saudi journal of biological sciences**, v. 28, n. 5, p. 2867-2876, 2021.
- RAI, M. F. *et al.* Advantages of RNA-seq compared to RNA microarrays for transcriptome profiling of anterior cruciate ligament tears. **Journal of Orthopaedic Research**, v. 36, n. 1, p. 484-497, 2018.
- RALPH, R. K. *et al.* Evidence for modification of protein phosphorylation by cytokinins. **Biochemical Journal**, v. 130, n. 4, p. 901-911, 1972.
- RANDALL, D. D.; WILLIAMS, M.; RAPP, B. J. Phosphorylation-dephosphorylation of pyruvate dehydrogenase complex from pea leaf mitochondria. **Archives of Biochemistry and Biophysics**, v. 207, n. 2, p. 437-444, 1981.
- RAUT, S. A.; SATHE, S. R.; RAUT, A. Bioinformatics: Trends in gene expression analysis. In: **2010 International Conference on Bioinformatics and Biomedical Technology**. IEEE, 2010. p. 97-100.
- REHMAN, N. *et al.* Functional characterization of Mitogen-Activated Protein Kinase Kinase (MAPKK) gene in Halophytic *Salicornia europaea* against salt stress. **Environmental and Experimental Botany**, v. 171, p. 103934, 2020.
- RUEDA, J. M. C. *et al.* Efecto sobre la motilidad intestinal del extracto de alcaloides de semilla de *Jatropha curcas* L. **Revista Cubana de Plantas Medicinales**, v. 18, n. 1, p. 84-91, 2013.
- SALEH, Z; M. *et al.* Anticancer and Antimicrobial Activity of *Jatropha's* Leaves Extracts. **Egyptian Journal of Botany**, v. 63, n. 2, p. 621-634, 2023.
- SALUJA, D.; BANSAL, A.; SACHAR, R. C. Regulation of protein kinase through de novo enzyme synthesis in germinating embryos of wheat: enzyme purification and its autophosphorylation. **Plant science**, v. 50, n. 1, p. 37-48, 1987.
- SAMBORSKY, J. M.; ROY, R. M. Isolation of camp-independent histone kinase from pine cotyledons. **Phytochemistry**, v. 21, n. 1, p. 25-27, 1982.
- SATO, S. *et al.* Sequence analysis of the genome of an oil-bearing tree, *Jatropha curcas* L. **DNA research**, v. 18, n. 1, p. 65-76, 2011.

SEVERINO, L. S. *et al.* Formação do sistema radicular de plantas de pinhão manso propagadas por mudas, estacas e sementes. **Embrapa Algodão**, 2007.

SHANKAR, R.; DWIVEDI, V.; ARYA, G. C. Relevance of Bioinformatics and Database in Omics Study. **Omics Technologies for Sustainable Agriculture and Global Food Security Volume 1**, p. 19-39, 2021.

SILVA, A. O. *et al.* Relações hídricas em cultivares de beterraba em diferentes níveis de salinidade do solo. **Revista Brasileira de Engenharia Agrícola e Ambiental**, v. 17, p. 1143-1151, 2013.

SILVA, B. V. *et al.* Proteínas quinases: características estruturais e inibidores químicos. **Química nova**, v. 32, n. 2, p. 453-462, 2009.

SILVA-MANN, R. *et al.* O Programa Nacional de Produção e Uso de Biodiesel (PNPB) e matérias-primas potenciais. In: R. *et al.* (org). **Pensando a biodiversidade: pinhão-manso (*Jatropha curcas* L.)**. Porto Seguro (BA): UFSB, 2018. p. 35-42.

SILVEIRA, J. A. G *et al.* Mecanismos biomoleculares envolvidos com a resistência ao estresse salino em plantas. **Manejo da salinidade na agricultura: estudos básicos e aplicados**, v. 1, p. 161-18, 2010.

SOLTABAYEVA, A; *et al.* Receptor-like Kinases (LRR-RLKs) in response of plants to biotic and abiotic stresses. **Plants**, v. 11, n. 19, p. 2660, 2022.

SU, Y.; PENG, X.; SHEN, S. Identification of leucine-rich repeat receptor-like protein kinase (LRR-RLK) genes in paper mulberry and their potential roles in response to cold stress. **Computational Biology and Chemistry**, v. 97, p. 107622, 2022.

TANVEER, M.; AHMED, H. A. I. ROS signalling in modulating salinity stress tolerance in plants. **Salt and Drought Stress Tolerance in Plants; Springer: Cham, Switzerland**, p. 299-314, 2020.

TREWAVAS, A. The phosphorylation of ribosomal protein in *Lemna minor*. **Plant physiology**, v. 51, n. 4, p. 760-767, 1973.

UBERSAX, J. A.; FERRELL, J. E. JR. Mechanisms of specificity in protein phosphorylation. **Nature Reviews Molecular Cell Biology**, v. 8, n. 7, p. 530- 541, 2007.

UKPAI, O. M.; IBEDIUNGA, B. N.; EHISIANYA, C. N. Potential of seed dusts of *Jatropha curcas* L., *Thevetia peruviana* (Pers.), and *Piper guineense* Schumach. against the maize weevil, *Sitophilus zeamais* (Motschulsky, 1855) (Coleoptera: Curculionidae) in storage of corn grain. **Polish Journal of Entomology**, v. 86, n. 3, p. 237-250, 2017.

VELCULESCU, V. E. *et al.* Serial analysis of gene expression. **Science**, v. 270, n. 5235, p. 484-487, 1995.

VERLI, H. **Bioinformática: da biologia à flexibilidade molecular**. 2014.

VIRGENS, I. O. *et al.* Revisão: *Jatropha curcas* L.: aspectos morfofisiológicos e químicos. **Brazilian Journal of Food Technology**, v. 20, 2017.

VISSER, E. M. *et al.* Bioethanol production potential from Brazilian biodiesel co-products. **Biomass and bioenergy**, v. 35, n. 1, p. 489-494, 2011.

VOLKOVA, P. Y.; GERAS' KIN, S. A. 'Omic' technologies as a helpful tool in radioecological research. **Journal of environmental radioactivity**, v. 189, p. 156-167, 2018.

WANG, Z.; GERSTEIN, M.; SNYDER, M. RNA-Seq: a revolutionary tool for transcriptomics. **Nature reviews genetics**, v. 10, n. 1, p. 57-63, 2009.

WINTER, D. J. **rentrez: An R package for the NCBI eUtils API**. PeerJ Preprints, 2017.

XU, J. *et al.* A reliable and efficient method for total RNA isolation from various members of spurge family (Euphorbiaceae). **Phytochemical Analysis**, v. 21, n. 5, p. 395-398, 2010.

XU, G. L. *et al.* NtRLK5, a novel RLK-like protein kinase from *Nicotiana glauca*, positively regulates drought tolerance in transgenic *Arabidopsis*. **Biochemical and biophysical research communications**, v. 503, n. 3, p. 1235-1240, 2018.

YADAV, D. Relevance of bioinformatics in the era of omics driven research. **Journal of Next Generation Sequencing & Applications**, v. 2, n. 1, p. 102, 2015.

YANG, C. *et al.* Overexpression of *Populus trichocarpa* Mitogen-Activated Protein Kinase Kinase4 Enhances Salt Tolerance in Tobacco. **International journal of molecular sciences**, v. 18, n. 10, p. 2090, 2017.

YAQOOB, H. *et al.* *Jatropha curcas* biodiesel: A lucrative recipe for Pakistan's energy sector. **Processes**, v. 9, n. 7, p. 1129, 2021.

ZHANG, L. *et al.* Global analysis of gene expression profiles in physic nut (*Jatropha curcas* L.) seedlings exposed to salt stress. **Plos one**, v. 9, n. 5, p. e97878, 2014.

ZHAO, L. *et al.* Analysis of transcriptome and epitranscriptome in plants using PacBio Iso-Seq and nanopore-based direct RNA sequencing. **Frontiers in genetics**, v. 10, p. 253, 2019.

ZHAO, S. *et al.* Regulation of Plant Responses to Salt Stress. **International Journal of Molecular Sciences**, v. 22, n. 9, p. 4609, 2021.

ZHENG, Y; *et al.* iTAK: a program for genome-wide prediction and classification of plant transcription factors, transcriptional regulators, and protein kinases. **Molecular plant**, v. 9, 2016.

ZHU, S. *et al.* New paradigms in cell adaptation: decades of discoveries on the Cr RLK1L receptor kinase signalling network. **New Phytologist**, v. 232, n. 3, p. 1168-1183, 2021.

ZHU, K. *et al.* The grapevine kinome: annotation, classification and expression patterns in developmental processes and stress responses. *Horticulture Research*, v. 5, n. 1, p. 1-16, 2018a.

ZHU, K. *et al.* The kinome of pineapple: catalog and insights into functions in crassulacean acid metabolism plants. **BMC plant biology**, v. 18, n. 1, p. 1-16, 2018b.

ZHU, K. *et al.* Pecan kinome: classification and expression analysis of all protein kinases in *Carya illinoensis*. **Forestry Research**, v. 1, n. 1, p. 1-12, 2021.

ZIA-UR-REHMAN, M. *et al.* Degraded soils: origin, types and management. **Soil science: Agricultural and environmental perspectives**, p. 23-65, 2016.

ZULAWSKI, M. *et al.* The Arabidopsis Kinome: phylogeny and evolutionary insights into functional diversification. **BMC genomics**, v. 15, n. 1, p. 1-15, 2014.

8. APÊNDICE

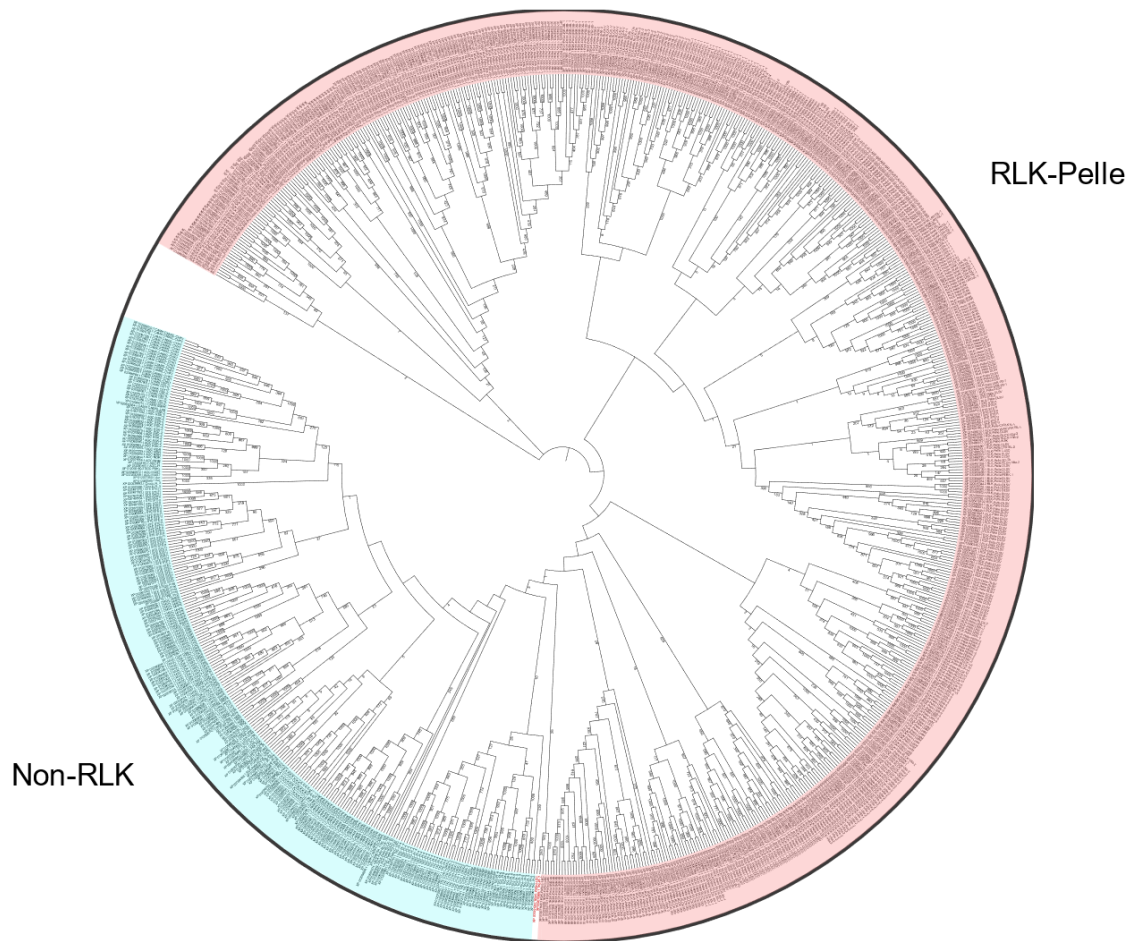
8.1 Artigo 1

APÊNDICE A - Recurso online 1. Identificação e classificação do potencial quinoma de *J. curcas* com prováveis 1.350 JcPKs.

Em virtude do tamanho extenso, a referida tabela se encontra disponível no link abaixo:

<https://docs.google.com/spreadsheets/d/116-BE2XDfbirjdDai7YWCTQ1a00vAxir/edit?usp=sharing&oid=114097534780432095512&rtpof=true&sd=true>

APÊNDICE B - Recurso online 2. Identificação e classificação do potencial quinoma de *J. curcas* com prováveis 1.350 JcPKs.



APÊNDICE C - Recurso online 3. Estrutura genômica das prováveis famílias de JcPKs que constituem o quinoma de *J. curcas*. Os parâmetros analisados via *Genestats* estão representados por valor médio. Nº (Número); KD (Domínio kinase); Seq (sequência).

Familia Quinase	Nº de Loci no genoma <i>Jatropha</i>	Nº de DK	Comprimento seq. transcrito	Nº de éxons	Comprimento seq. éxons	Nº de íntrons	Comprimento seq. íntrons	Nº blocos CDS	Comprimento seq. CDS
RLK-Pelle_RKF3	4	2,0	2332,3	1,0	2332,3	0,0	0,0	1,0	1917,8
RLK-Pelle_LRR-VII-2	1	2,0	3566,0	1,0	3566,0	0,0	0,0	1,0	2565,0
RLK-Pelle_LRR-VII-3	1	2,0	3882,0	1,0	3882,0	0,0	0,0	1,0	3408,0
RLK-Pelle_RLCK-XI	3	3,8	3327,6	1,8	2736,8	0,8	590,8	1,0	2064,0
CMGC_CDK-CDK8	1	2,0	3771,0	2,0	2427,0	1,0	1344,0	1,0	1437,0
RLK-Pelle_LRR-Xb-1	11	2,0	3579,4	1,5	3498,1	0,5	81,3	1,3	2725,6
RLK-Pelle_RLCK-Os	2	2,0	1866,5	1,5	1557,0	0,5	309,5	1,5	1264,5
RLK-Pelle_LRR-XI-2	2	2,0	2707,5	1,5	2387,5	0,5	320,0	1,5	1561,5
RLK-Pelle_CR4L	15	2,0	4700,0	3,0	3232,6	2,0	1467,4	1,7	2027,7
RLK-Pelle_SD-2b	37	2,0	3321,1	2,1	2660,8	1,1	660,3	1,7	2190,6
RLK-Pelle_LRR-XV	3	2,0	4711,5	3,0	4159,2	2,0	552,3	1,7	3374,5
RLK-Pelle_RLCK-XIII	1	2,0	1610,0	2,0	1492,0	1,0	118,0	2,0	1092,0
RLK-Pelle_LRR-Xb-2	1	2,0	3985,0	2,0	3773,0	1,0	212,0	2,0	3312,0
CMGC_CDK-CCRK	1	3,0	2240,0	2,0	1853,0	1,0	387,0	2,0	1452,0
RLK-Pelle_LRR-VII-1	4	2,0	4274,5	2,0	3804,5	1,0	470,0	2,0	2866,5
RLK-Pelle_LRR-IX	6	2,0	3987,3	2,0	3363,0	1,0	624,3	2,0	2811,0
RLK-Pelle_Singleton	1	3,0	4083,0	4,0	3393,0	3,0	690,0	2,0	2898,0
TKL_Gdt	1	2,0	3068,0	3,3	2697,0	2,3	371,0	2,3	1982,0
RLK-Pelle_LRR-III	38	2,1	3663,1	2,8	2557,7	1,8	1105,4	2,3	1981,6
RLK-Pelle_LRR-Xa	7	2,0	3134,3	3,2	2252,4	2,2	881,9	2,4	1765,8
RLK-Pelle_CrRLK1L-1	27	2,0	6680,2	2,9	2603,1	1,9	4077,2	2,8	2164,6
RLK-Pelle_LRR-XI-1	42	2,0	4120,4	3,0	3454,3	2,0	666,1	2,9	3001,3
RLK-Pelle_URK-3	1	1,0	3442,0	3,0	3240,0	2,0	202,0	3,0	1908,0
TKL-PI-7	1	2,0	3866,0	3,0	2149,0	2,0	1717,0	3,0	1830,0
RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	15	2,0	4419,5	3,5	2273,2	2,5	2146,3	3,3	1837,3
RLK-Pelle_LRK10L-2	21	2,0	5546,2	3,5	1877,2	2,5	3669,0	3,5	1653,6
RLK-Pelle_LRR-XII-1	36	2,0	5894,5	3,9	2875,5	2,9	3019,0	3,7	2546,5
CMGC_SRPK	3	4,0	3772,0	4,3	2272,5	3,3	1499,5	3,8	1492,0
RLK-Pelle_LRR-IV	3	2,0	3489,0	4,0	2592,0	3,0	897,0	4,0	2037,0
RLK-Pelle_WAK	14	2,0	3783,9	4,0	2274,1	3,0	1509,8	4,0	2050,3

RLK-Pelle RLCK-II	1	2,0	4258,0	5,0	2222,0	4,0	2036,0	4,0	1635,0
RLK-Pelle LRR-XIV	2	2,0	6228,5	4,5	3951,0	3,5	2277,5	4,0	2707,5
RLK-Pelle RLCK-XV	3	2,0	2528,7	4,3	1426,0	3,3	1102,7	4,3	1133,0
RLK-Pelle L-LEC	34	2,0	3375,4	4,8	2220,0	3,8	1155,4	4,7	1907,6
RLK-Pelle RLCK-VIIa-1	10	2,0	3641,8	5,0	1873,9	4,0	1767,9	4,8	1203,0
TKL-PI-8	1	2,0	1986,0	5,0	1365,0	4,0	621,0	5,0	1365,0
RLK-Pelle LysM	15	2,0	4993,0	5,4	2379,3	4,4	2613,7	5,0	1835,7
RLK-Pelle C-LEC	1	2,0	5089,0	6,0	2211,0	5,0	2878,0	5,0	1659,0
RLK-Pelle RLCK-VIIa-2	39	2,0	5387,6	5,7	1686,9	4,7	3700,7	5,2	1073,4
CMGC_CDK-PITSLRE	2	2,0	4445,5	7,8	3239,3	6,8	1206,3	5,3	1998,0
IRE1	2	2,0	5076,0	6,0	3067,7	5,0	2008,3	5,7	2619,0
STE STE11	34	2,0	3784,1	6,3	2067,2	5,3	1716,9	5,8	1587,6
AGC_RSK-2	13	3,7	4950,0	6,9	2651,7	5,9	2298,3	5,8	2089,6
AGC-PI	2	2,0	4091,7	7,0	2203,3	6,0	1888,3	6,0	1408,0
TTK	1	2,0	4900,5	6,0	2767,0	5,0	2133,5	6,0	2471,3
WNK NRBP	9	2,1	3665,1	6,7	2278,8	5,7	1386,3	6,3	1623,3
RLK-Pelle RLCK-V	7	2,1	3592,2	7,0	2092,6	6,0	1499,7	6,8	1448,7
RLK-Pelle LRR-VI-1	5	2,0	4332,4	7,8	3050,6	6,8	1281,8	6,8	2304,2
RLK-Pelle RLCK-IXa	1	2,0	2404,0	7,0	1442,0	6,0	962,0	7,0	1122,0
RLK-Pelle RLCK-VIIb	1	2,0	2911,0	7,0	1555,0	6,0	1356,0	7,0	1092,0
NAK	1	2,0	4661,0	8,0	2599,0	7,0	2062,0	7,0	2010,0
CAMK_CAMK1-DCAMKL	1	2,0	4133,0	7,0	1716,0	6,0	2417,0	7,0	1539,0
RLK-Pelle LRR-I-2	1	2,0	5203,5	8,0	1917,0	7,0	3286,5	7,0	1260,0
PEK PEK	1	1,0	7255,7	8,0	3496,0	7,0	3759,7	7,0	2744,5
CMGC_CDK-CDK7	1	2,0	11199,0	7,0	1877,0	6,0	9322,0	7,0	1251,0
RLK-Pelle RLCK-VIII	3	2,0	4268,8	8,0	1685,3	7,0	2583,5	7,2	1121,5
STE STE7	9	2,0	3991,9	7,9	1722,6	6,9	2269,3	7,3	1297,9
CAMK_CDPK	26	2,0	5401,4	7,7	2276,2	6,7	3125,2	7,3	1597,5
CMGC_CDK-PI	3	2,0	5624,8	7,8	1425,2	6,8	4199,6	7,4	918,0
RLK-Pelle URK-2	3	2,0	2650,3	7,7	1857,0	6,7	793,3	7,7	1756,0
Aur	2	2,3	6246,3	7,7	1368,3	6,7	4878,0	7,7	901,0
TKL-PI-4	19	2,0	6781,8	8,2	2022,4	7,2	4759,4	7,9	1284,2
CMGC_CDK-CRK7-CDK9	11	2,0	5898,9	8,3	2674,8	7,3	3224,2	7,9	1895,3
RLK-Pelle RLCK-VI	11	2,0	3801,6	8,5	2136,5	7,5	1665,2	8,0	1560,7
TKL-PI-1	3	2,0	5917,7	8,8	3417,3	7,8	2500,3	8,0	2885,5

RLK-Pelle URK-1	2	2,0	4869,8	8,3	1968,0	7,3	2901,8	8,0	1470,0
CMGC_MAPK	10	2,0	6314,7	8,3	2127,4	7,3	4187,2	8,0	1429,6
CAMK_CAMKL-CHK1	17	2,0	5332,6	8,9	2065,3	7,9	3267,4	8,2	1354,4
RLK-Pelle LRR-XIIIa	3	2,0	5167,6	9,0	1761,9	8,0	3405,7	8,3	1344,9
TKL-PI-6	6	2,0	7447,8	9,4	4762,7	8,4	2685,1	8,3	3774,4
CMGC_DYRK-PRP4	3	2,0	7842,7	8,8	3035,0	7,8	4807,7	8,5	2487,0
RLK-Pelle RLCK-IV	3	2,0	4940,7	8,7	1528,7	7,7	3412,0	8,7	1184,0
CAMK_OST1L	8	2,0	5185,6	9,2	1621,3	8,2	3564,2	8,7	1010,0
RLK-Pelle PERK-2	8	1,9	5100,5	9,1	2679,1	8,1	2421,4	8,9	1942,5
RLK-Pelle RLCK-XVI	1	2,0	6423,3	10,9	2665,0	9,9	3758,3	8,9	2061,9
RLK-Pelle PERK-1	11	2,0	7253,1	9,5	3006,3	8,5	4246,8	9,1	2419,7
RLK-Pelle RLCK-IXb	12	2,0	5164,5	9,8	2908,9	8,8	2255,6	9,3	2400,2
CMGC_CLK	4	2,0	3917,2	10,3	1476,4	9,3	2440,8	9,3	981,7
RLK-Pelle RLCK-XII-1	7	2,0	7002,4	10,3	2163,5	9,3	4838,9	9,6	1458,9
ULK_ULK4	1	2,0	6139,5	11,0	4556,5	10,0	1583,0	10,0	4065,0
RLK-Pelle RLCK-X	2	2,0	4034,5	10,0	1906,0	9,0	2128,5	10,0	1362,0
WEE	1	2,0	4534,0	10,0	2023,0	9,0	2511,0	10,0	1512,0
Group-PI-4	1	2,0	5255,0	10,0	2144,0	9,0	3111,0	10,0	1722,0
CAMK_AMPK	1	2,0	8303,0	11,0	2214,0	10,0	6089,0	10,0	1545,0
CMGC_CK2	3	2,0	7697,0	10,0	1538,7	9,0	6158,3	10,0	1184,0
RLK-Pelle LRR-II	11	2,0	9649,6	10,2	2352,8	9,2	7296,8	10,1	1778,0
RLK-Pelle Extensin	5	2,0	6059,6	10,5	3333,4	9,5	2726,2	10,5	2561,1
RLK-Pelle DLSV	84	2,1	7174,1	10,9	2557,7	9,9	4616,5	10,6	2183,5
CMGC_PI-Tthe	1	2,0	8471,0	11,0	5122,0	10,0	3349,0	11,0	4644,0
AGC_PDK1	1	2,0	6510,0	11,0	2403,0	10,0	4107,0	11,0	1524,0
CAMK_CAMKL-LKB	1	2,0	7051,0	11,0	1830,0	10,0	5221,0	11,0	1239,0
RLK-Pelle LRR-VI-2	4	2,0	5231,0	11,6	2741,0	10,6	2490,0	11,2	2039,4
TKL-PI-5	6	2,0	8740,7	11,9	1940,2	10,9	6800,4	11,4	1316,3
CMGC_GSK	5	2,0	6052,8	12,2	1745,5	11,2	4307,3	11,5	1178,5
TKL-PI-2	1	2,0	8223,2	12,4	4067,2	11,4	4156,0	12,0	3414,6
Group-PI-3	2	2,0	6405,0	12,7	2416,3	11,7	3988,7	12,7	1917,0
AGC_NDR	5	3,1	8564,9	13,6	2500,9	12,7	6064,1	12,8	1605,7
AGC_MAST	2	3,0	7001,3	10,0	3015,0	13,0	3986,3	13,7	2564,0
NEK	4	2,0	7059,0	14,6	2786,9	13,6	4272,1	13,7	2261,6
CK1_CK1	7	2,0	5952,9	14,1	2354,8	13,1	3598,1	13,8	1365,5

TKL_CTR1-DRK-2	8	2,0	10370,5	14,1	3401,9	13,1	6968,5	13,9	2683,6
BUB	2	1,0	4951,0	14,0	2168,5	13,0	2782,5	14,0	1528,5
SCY1_SCYL2	1	2,0	15608,0	14,0	3309,0	13,0	12299,0	14,0	2790,0
RLK-Pelle_LRR-I-1	7	2,0	6065,1	14,4	3287,0	13,4	2778,1	14,3	2760,0
AGC_PKA-PKG	1	2,0	7261,0	15,5	3668,5	14,5	3592,5	14,5	3194,3
Group-PI-2	1	3,0	6022,3	15,0	3376,3	14,0	2646,0	15,0	2988,0
STE_STE20-Fray	4	2,0	8036,3	15,9	2420,0	14,9	5616,3	15,1	1787,0
TKL_CTR1-DRK-1	1	2,0	23441,0	16,5	3132,0	15,5	20309,0	15,5	2421,0
CMGC_CDKL-Cr	1	1,0	8293,0	16,0	5272,0	15,0	3021,0	16,0	5034,0
RLK-Pelle_LRR-V	5	2,0	6513,8	16,6	2787,7	15,6	3726,1	16,0	2179,7
CK1_CK1-PI	4	2,0	7943,8	17,5	2954,0	16,5	4989,8	16,5	2094,5
TLK	1	2,0	12313,0	17,0	2752,0	16,0	9561,0	17,0	2010,0
CMGC_RCK	1	2,0	7976,0	19,0	1920,0	18,0	6056,0	18,0	1284,0
CMGC_DYRK-YAK	1	2,0	14737,0	18,0	3629,0	17,0	11108,0	18,0	2850,0
STE_STE20-PI	1	2,0	14861,0	18,0	2728,5	17,0	12132,5	18,0	2437,5
STE_STE20-YSK	1	2,0	12085,3	20,3	2552,8	19,3	9532,5	19,3	1965,0
RLK-Pelle_LRR-VIII-1	5	2,0	11916,1	20,4	3165,6	19,4	8750,6	19,9	2757,0
CMGC_GSKL	1	1,0	13684,0	23,0	4149,0	22,0	9535,0	21,0	3300,0
ULK_Fused	1	2,0	10943,8	24,0	4396,3	23,0	6547,5	22,0	4050,0
RLK-Pelle_LRR-XIIIb	2	2,0	7642,0	27,0	3646,0	26,0	3996,0	27,0	2970,0
PEK_GCN2	1	3,0	23473,0	29,5	4351,5	28,5	19121,5	29,5	3769,5

APÊNDICE D - Recurso online 4. Caracterização físico-química das proteínas e análises de localização subcelular das prováveis 1.350 JcPKs.

Gene ID	Proteína ID	Família quinase	Localização subcelular	Comprimento	pI	MW
LOC105643222	XP_012083699.1	AGC_RSK-2	Chloroplast	725	8,01	78937,4
LOC105643222	XP_012083700.1	AGC_RSK-2	Chloroplast	725	8,01	78937,4
LOC105643222	XP_012083701.1	AGC_RSK-2	Chloroplast	725	8,01	78937,4
LOC105639677	XP_012079194.1	CAMK_CDPK	Chloroplast	630	8,91	70143,5
LOC105642793	XP_012083127.1	CAMK_CDPK	Chloroplast	603	8,91	67242,4
LOC105648926	XP_012090819.1	CAMK_CDPK	Chloroplast	588	8,80	65759,5
LOC105648926	XP_037492053.1	CAMK_CDPK	Chloroplast	553	8,82	61736,2
LOC105648747	XP_012090624.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Chloroplast	578	-	-
LOC105641979	XP_012082027.1	Group-PI-4	Chloroplast	573	9,74	64353,7
LOC105629634	XP_012066638.1	RLK-Pelle_CR4L	Chloroplast	352	8,81	39129,5
LOC105630677	XP_012067958.1	RLK-Pelle_CR4L	Chloroplast	510	-	-
LOC105650163	XP_037493926.1	RLK-Pelle_DLSV	Chloroplast	944	5,74	101308,3
LOC105650568	XP_037497558.1	RLK-Pelle_DLSV	Chloroplast	197	4,59	21653,0
LOC105647130	XP_020540144.1	RLK-Pelle_LRR-I-1	Chloroplast	474	7,94	47604,0
LOC105644628	XP_012085434.1	RLK-Pelle_LRR-II	Chloroplast	626	6,46	66363,4
LOC105637991	XP_012077079.1	RLK-Pelle_LRR-III	Chloroplast	646	6,19	68028,8
LOC105642343	XP_012082544.1	RLK-Pelle_LRR-III	Chloroplast	675	8,16	70906,3
LOC105643708	XP_012084291.1	RLK-Pelle_LRR-III	Chloroplast	649	9,36	69364,9
LOC105644791	XP_012085656.1	RLK-Pelle_LRR-III	Chloroplast	713	6,56	77835,9
LOC105646733	XP_012088046.1	RLK-Pelle_LRR-III	Chloroplast	655	5,97	65083,1
LOC105648373	XP_037495355.1	RLK-Pelle_LRR-III	Chloroplast	632	8,05	66381,5
LOC105649173	XP_012091138.1	RLK-Pelle_LRR-VII-1	Chloroplast	960	6,04	100637,6
LOC105629750	XP_037493783.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	Chloroplast	299	8,38	32626,4
LOC105650931	XP_012093288.1	RLK-Pelle_LysM	Chloroplast	449	8,98	50051,5
LOC105632227	XP_012069940.1	RLK-Pelle_RLCK-V	Chloroplast	485	6,88	47678,4
LOC105642942	XP_012083324.1	RLK-Pelle_RLCK-V	Chloroplast	489	6,41	49139,5
LOC105647384	XP_012088837.1	RLK-Pelle_RLCK-V	Chloroplast	508	8,53	51861,3
LOC105632227	XP_020534547.1	RLK-Pelle_RLCK-V	Chloroplast	428	6,23	41405,9
LOC105630935	XP_037494338.1	RLK-Pelle_RLCK-V	Chloroplast	519	7,43	54282,6
LOC105628477	XP_012065277.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Chloroplast	590	8,08	66094,3
LOC105638573	XP_012077782.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Chloroplast	513	9,06	56969,6
LOC105630367	XP_037494771.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Chloroplast	403	6,56	45263,1

LOC105630089	XP_012067175.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Chloroplast	431	9,97	47631,8
LOC105637168	XP_012075969.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Chloroplast	400	9,72	43950,3
LOC105650282	XP_012092540.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Chloroplast	404	9,31	44645,1
LOC119371447	XP_037497539.1	RLK-Pelle_SD-2b	Chloroplast	183	8,15	21258,9
LOC105639163	XP_012078526.1	STE_STE11	Chloroplast	305	5,89	34011,9
LOC105646365	XP_012087603.1	STE_STE11	Chloroplast	421	4,58	46646,2
LOC105637433	XP_012076278.1	TKL-PI-4	Chloroplast	418	6,79	46717,9
LOC119370058	XP_037493258.1	AGC_MAST	Cytoplasmic	448	6,86	50683,8
LOC105633641	XP_012071656.1	AGC_NDR	Cytoplasmic	523	5,99	59991,1
LOC105638113	XP_012077239.1	AGC_NDR	Cytoplasmic	522	5,95	59785,3
LOC105638113	XP_012077240.1	AGC_NDR	Cytoplasmic	509	5,87	58338,8
LOC105638113	XP_012077241.1	AGC_NDR	Cytoplasmic	505	5,87	57895,3
LOC105648420	XP_012090189.2	AGC_PDK1	Cytoplasmic	507	7,84	56520,1
LOC105644383	XP_012085095.1	AGC_RSK-2	Cytoplasmic	434	5,76	49419,5
LOC105649155	XP_012091113.1	AGC-PI	Cytoplasmic	479	7,13	53647,8
LOC105638194	XP_012077350.1	Aur	Cytoplasmic	321	8,73	36774,9
LOC105638194	XP_012077351.1	Aur	Cytoplasmic	293	9,33	33828,0
LOC105646913	XP_012088248.1	BUB	Cytoplasmic	523	7,75	60700,6
LOC105646913	XP_037491800.1	BUB	Cytoplasmic	494	8,78	57284,2
LOC105644102	XP_012084751.1	CAMK_AMPK	Cytoplasmic	514	8,43	58786,2
LOC105630316	XP_012067501.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	449	9,34	50569,1
LOC105633501	XP_012071492.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	435	9,53	48962,6
LOC105637561	XP_012076439.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	447	8,52	50473,4
LOC105638989	XP_012078312.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	425	8,71	48120,8
LOC105639024	XP_012078353.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	458	9,11	51851,4
LOC105639024	XP_012078360.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	458	9,11	51851,4
LOC105639377	XP_012078806.2	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	443	8,99	50149,9
LOC105642786	XP_012083118.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	443	8,67	50035,5
LOC105648048	XP_012089700.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	422	8,78	48030,9
LOC105648050	XP_012089703.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	465	8,94	52935,1
LOC105649201	XP_012091176.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	453	9,43	51160,6
LOC105649678	XP_012091789.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	445	9,56	50152,7
LOC105649679	XP_012091790.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	484	7,98	54392,7
LOC105649679	XP_012091791.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	484	7,98	54392,7
LOC105637170	XP_020536173.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	451	6,58	51768,4
LOC105637170	XP_020536180.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	439	6,74	50245,8

LOC105649201	XP_020540950.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	453	9,43	51160,6
LOC105649679	XP_020541199.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	484	7,98	54392,7
LOC105649679	XP_020541200.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	484	7,98	54392,7
LOC105648050	XP_037494376.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	465	8,94	52935,1
LOC105637170	XP_037495424.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	475	6,62	54739,6
LOC105637170	XP_037495425.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	475	6,62	54739,6
LOC105637170	XP_037495426.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	475	6,62	54739,6
LOC105637170	XP_037495427.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	475	6,62	54739,6
LOC105637170	XP_037495428.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	475	6,62	54739,6
LOC105637170	XP_037495429.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	475	6,62	54739,6
LOC105637170	XP_037495430.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	463	6,77	53217,0
LOC105642786	XP_037496241.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Cytoplasmic	437	8,58	49329,9
LOC105628107	XP_020532584.1	CAMK_CAMKL-LKB	Cytoplasmic	412	5,85	46954,6
LOC105628897	XP_012065771.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	502	5,11	56864,9
LOC105629394	XP_012066379.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	535	6,13	61164,9
LOC105632131	XP_012069828.2	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	270	5,76	30109,0
LOC105632961	XP_012070829.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	535	6,47	60556,5
LOC105632961	XP_012070830.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	535	6,47	60556,5
LOC105635292	XP_012073727.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	519	5,85	58424,5
LOC105635771	XP_012074258.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	587	5,16	65416,1
LOC105635891	XP_012074415.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	620	5,29	69581,5
LOC105640481	XP_012080192.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	554	7,31	63228,7
LOC105640481	XP_012080194.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	554	7,31	63228,7
LOC105641906	XP_012081947.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	574	5,21	64267,1
LOC105645212	XP_012086139.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	531	6,68	60411,7
LOC105645731	XP_012086799.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	525	6,08	59054,0
LOC105646583	XP_012087842.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	527	5,80	59439,6
LOC105647015	XP_012088375.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	518	5,24	58179,9
LOC105647734	XP_012089319.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	276	5,14	31311,0
LOC105628970	XP_020532939.2	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	538	5,41	59710,1
LOC105635427	XP_020535061.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	562	5,47	62928,7
LOC105640481	XP_020537468.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	554	7,31	63228,7
LOC105635427	XP_037491799.1	CAMK_CDPK	Cytoplasmic	562	5,47	62928,7
LOC105630640	XP_012067903.1	CAMK_OST1L	Cytoplasmic	335	5,80	38011,8
LOC105641145	XP_012081018.1	CAMK_OST1L	Cytoplasmic	338	5,78	38250,9
LOC105641643	XP_012081619.1	CAMK_OST1L	Cytoplasmic	338	5,19	38329,9

LOC105630640	XP_037496158.1	CAMK_OST1L	Cytoplasmic	310	5,19	34903,5
LOC105631434	XP_012068944.1	CK1_CK1	Cytoplasmic	472	9,97	52928,4
LOC105632633	XP_012070457.1	CK1_CK1-PI	Cytoplasmic	705	9,12	78670,1
LOC105650959	XP_012093319.1	CK1_CK1-PI	Cytoplasmic	710	9,68	79927,3
LOC105637746	XP_012076728.1	CMGC_CDK-CCRK	Cytoplasmic	483	4,10	53663,2
LOC105634329	XP_012072561.1	CMGC_CDK-CDK7	Cytoplasmic	417	9,51	47360,6
LOC105634329	XP_012072562.1	CMGC_CDK-CDK7	Cytoplasmic	412	9,70	46802,2
LOC105634329	XP_012072563.1	CMGC_CDK-CDK7	Cytoplasmic	400	9,61	45338,6
LOC105634329	XP_020535036.1	CMGC_CDK-CDK7	Cytoplasmic	435	9,19	49327,9
LOC105645637	XP_012086675.1	CMGC_CDK-CDK8	Cytoplasmic	478	9,59	53175,3
LOC105628962	XP_012065857.1	CMGC_CDK-PI	Cytoplasmic	302	6,61	34689,0
LOC105628962	XP_012065858.1	CMGC_CDK-PI	Cytoplasmic	294	7,34	33755,0
LOC105628962	XP_012065859.1	CMGC_CDK-PI	Cytoplasmic	294	7,34	33755,0
LOC105635163	XP_012073556.1	CMGC_CDK-PI	Cytoplasmic	312	9,33	35666,4
LOC105649053	XP_012090971.1	CMGC_CDK-PI	Cytoplasmic	323	6,94	36366,3
LOC105630870	XP_012068248.1	CMGC_CK2	Cytoplasmic	333	8,39	39593,8
LOC105646154	XP_012087345.1	CMGC_DYRK-PRP4	Cytoplasmic	705	4,27	80605,8
LOC105646154	XP_012087353.1	CMGC_DYRK-PRP4	Cytoplasmic	335	4,66	39114,0
LOC105646154	XP_020540573.1	CMGC_DYRK-PRP4	Cytoplasmic	678	4,29	77485,7
LOC105629676	XP_012066688.2	CMGC_GSK	Cytoplasmic	422	7,93	47885,3
LOC105642671	XP_012082965.1	CMGC_GSK	Cytoplasmic	409	8,38	46331,2
LOC105647389	XP_012088843.1	CMGC_GSK	Cytoplasmic	408	8,52	46180,0
LOC105629676	XP_037496838.1	CMGC_GSK	Cytoplasmic	422	7,93	47885,3
LOC105649936	XP_037495517.1	CMGC_GSKL	Cytoplasmic	1099	5,77	124406,8
LOC105631897	XP_012069504.1	CMGC_MAPK	Cytoplasmic	560	8,64	63830,5
LOC105631897	XP_012069505.1	CMGC_MAPK	Cytoplasmic	559	8,64	63759,5
LOC105636677	XP_012075394.1	CMGC_MAPK	Cytoplasmic	405	5,31	46154,9
LOC105628161	XP_020532649.1	CMGC_MAPK	Cytoplasmic	372	5,51	42819,0
LOC105631897	XP_020534165.1	CMGC_MAPK	Cytoplasmic	564	8,64	64128,8
LOC105632438	XP_037492173.1	CMGC_MAPK	Cytoplasmic	480	9,28	55099,1
LOC105632438	XP_037492191.1	CMGC_MAPK	Cytoplasmic	394	8,78	45897,0
LOC105628573	XP_012065407.1	CMGC_SRPK	Cytoplasmic	445	8,87	50279,0
LOC105644180	XP_012084844.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	Cytoplasmic	466	7,59	49642,7
LOC105642210	XP_012082349.1	RLK-Pelle_DLSV	Cytoplasmic	370	6,40	41169,9
LOC105649516	XP_012091571.1	RLK-Pelle_DLSV	Cytoplasmic	367	8,37	40730,5
LOC105642891	XP_020537927.1	RLK-Pelle_DLSV	Cytoplasmic	569	5,83	64485,5

LOC105642891	XP_020537937.1	RLK-Pelle_DLSV	Cytoplasmic	463	6,45	45977,7
LOC105642210	XP_020538125.1	RLK-Pelle_DLSV	Cytoplasmic	366	6,40	40702,4
LOC105647148	XP_037492679.1	RLK-Pelle_DLSV	Cytoplasmic	222	7,22	25077,9
LOC105642891	XP_037492781.1	RLK-Pelle_DLSV	Cytoplasmic	552	6,62	62253,5
LOC105647144	XP_037492982.1	RLK-Pelle_DLSV	Cytoplasmic	573	8,97	65005,1
LOC119370276	XP_037493970.1	RLK-Pelle_DLSV	Cytoplasmic	245	5,72	27314,7
LOC119371173	XP_037496736.1	RLK-Pelle_DLSV	Cytoplasmic	132	-	-
LOC105637485	XP_012076384.1	RLK-Pelle_L-LEC	Cytoplasmic	681	6,00	74124,1
LOC119369194	XP_037491158.1	RLK-Pelle_L-LEC	Cytoplasmic	282	6,79	31810,3
LOC119369864	XP_037492694.1	RLK-Pelle_L-LEC	Cytoplasmic	197	4,46	21256,8
LOC105641813	XP_020538014.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	Cytoplasmic	445	7,00	50200,2
LOC105650730	XP_037491665.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	Cytoplasmic	263	8,92	29897,0
LOC110010351	XP_037495537.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	Cytoplasmic	285	5,76	32601,7
LOC105633570	XP_012071584.1	RLK-Pelle_LRR-II	Cytoplasmic	641	6,34	67607,6
LOC105636526	XP_012075205.1	RLK-Pelle_LRR-II	Cytoplasmic	624	5,02	66324,7
LOC105647220	XP_012088621.2	RLK-Pelle_LRR-II	Cytoplasmic	623	5,75	69620,9
LOC105648035	XP_012089681.1	RLK-Pelle_LRR-II	Cytoplasmic	624	5,20	66203,6
LOC105636526	XP_020535939.1	RLK-Pelle_LRR-II	Cytoplasmic	599	4,90	63522,6
LOC105647220	XP_020540214.2	RLK-Pelle_LRR-II	Cytoplasmic	566	5,77	63119,2
LOC105647220	XP_020540215.2	RLK-Pelle_LRR-II	Cytoplasmic	505	5,83	56861,0
LOC105641724	XP_037491742.1	RLK-Pelle_LRR-II	Cytoplasmic	358	5,46	41208,1
LOC105647220	XP_037492672.1	RLK-Pelle_LRR-II	Cytoplasmic	594	5,67	66346,7
LOC105648645	XP_012090493.1	RLK-Pelle_LRR-III	Cytoplasmic	358	6,13	37793,1
LOC105645821	XP_012086926.1	RLK-Pelle_LRR-VI-2	Cytoplasmic	670	5,43	73514,3
LOC105639438	XP_037497862.1	RLK-Pelle_LRR-VI-2	Cytoplasmic	677	5,08	71866,3
LOC105643854	XP_012084469.1	RLK-Pelle_LRR-Xa	Cytoplasmic	621	6,94	65171,8
LOC105643854	XP_012084473.1	RLK-Pelle_LRR-Xa	Cytoplasmic	621	6,94	65171,8
LOC105643854	XP_020538903.1	RLK-Pelle_LRR-Xa	Cytoplasmic	621	6,94	65171,8
LOC105636991	XP_012075783.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	Cytoplasmic	156	-	-
LOC105636991	XP_020536100.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	Cytoplasmic	156	-	-
LOC105645406	XP_037491702.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	Cytoplasmic	216	4,94	24081,5
LOC105633422	XP_037496475.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	Cytoplasmic	301	6,15	33706,7
LOC105637913	XP_012076973.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Cytoplasmic	768	7,03	86647,1
LOC105642976	XP_012083379.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Cytoplasmic	752	4,88	85309,3
LOC105648451	XP_012090232.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Cytoplasmic	803	6,76	91116,5
LOC105648451	XP_012090233.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Cytoplasmic	800	6,76	90728,1

LOC105648451	XP_020540790.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Cytoplasmic	773	7,03	87773,3
LOC105636450	XP_012075115.1	RLK-Pelle_RLCK-Os	Cytoplasmic	462	5,66	46071,8
LOC105639720	XP_012079245.1	RLK-Pelle_RLCK-V	Cytoplasmic	499	6,03	49517,1
LOC105643620	XP_037494775.1	RLK-Pelle_RLCK-V	Cytoplasmic	489	6,78	50354,4
LOC105631862	XP_012069452.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	502	5,15	56440,8
LOC105631862	XP_012069454.2	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	518	5,40	58228,7
LOC105636445	XP_012075108.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	380	5,62	43195,9
LOC105641697	XP_012081681.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	471	5,23	52947,3
LOC105641697	XP_012081682.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	469	5,23	52735,0
LOC105631862	XP_020534190.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	522	5,33	58703,2
LOC105631862	XP_020534191.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	522	5,27	58491,7
LOC105631862	XP_020534192.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	506	5,10	56915,3
LOC105631862	XP_020534193.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	506	5,05	56703,8
LOC105631862	XP_020534194.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	502	5,10	56229,3
LOC105636445	XP_020535917.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	334	5,61	37809,6
LOC105631862	XP_037495742.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Cytoplasmic	518	5,34	58017,2
LOC105633260	XP_012071225.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Cytoplasmic	362	8,60	40569,8
LOC105649363	XP_012091379.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Cytoplasmic	387	6,03	43394,1
LOC105633260	XP_020534486.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Cytoplasmic	365	8,91	40950,3
LOC105635221	XP_020535444.2	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Cytoplasmic	367	6,78	38155,0
LOC105649363	XP_020541004.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Cytoplasmic	261	4,90	29107,6
LOC105640998	XP_012080826.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Cytoplasmic	385	7,72	43082,2
LOC105650283	XP_012092541.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Cytoplasmic	457	6,30	51676,3
LOC105634927	XP_020535311.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Cytoplasmic	220	4,91	24582,9
LOC105634927	XP_020535314.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Cytoplasmic	220	4,91	24582,9
LOC105629271	XP_012066217.1	RLK-Pelle_RLCK-VIII	Cytoplasmic	407	8,42	45142,3
LOC105629271	XP_012066218.1	RLK-Pelle_RLCK-VIII	Cytoplasmic	369	7,99	40744,9
LOC105629271	XP_012066219.1	RLK-Pelle_RLCK-VIII	Cytoplasmic	369	7,99	40744,9
LOC105642685	XP_012082980.1	RLK-Pelle_RLCK-VIII	Cytoplasmic	362	6,44	38972,4
LOC105646559	XP_012087813.1	RLK-Pelle_RLCK-VIII	Cytoplasmic	365	6,33	39405,8
LOC105646559	XP_037496762.1	RLK-Pelle_RLCK-VIII	Cytoplasmic	365	6,33	39405,8
LOC105631149	XP_012068547.1	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	Cytoplasmic	487	5,56	54769,5
LOC105642999	XP_012083413.1	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	Cytoplasmic	493	5,10	55410,0
LOC105645809	XP_012086904.1	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	Cytoplasmic	489	5,30	54831,6
LOC105645809	XP_012086906.1	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	Cytoplasmic	489	5,30	54831,6
LOC105645809	XP_020539685.1	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	Cytoplasmic	489	5,30	54831,6

LOC105645809	XP_020539686.1	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	Cytoplasmic	488	5,30	54732,5
LOC105628476	XP_012065276.2	RLK-Pelle_RLCK-XV	Cytoplasmic	393	7,27	43951,1
LOC105634844	XP_012073165.1	RLK-Pelle_RLCK-XV	Cytoplasmic	371	5,87	41735,4
LOC105648859	XP_037491849.1	RLK-Pelle_RLCK-XV	Cytoplasmic	367	8,34	41601,9
LOC105629196	XP_020533032.1	RLK-Pelle_SD-2b	Cytoplasmic	253	4,50	28509,0
LOC105647142	XP_037492767.1	RLK-Pelle_SD-2b	Cytoplasmic	252	6,12	28614,6
LOC105647185	XP_037497540.1	RLK-Pelle_SD-2b	Cytoplasmic	121	-	-
LOC105629754	XP_012066785.1	STE_STE11	Cytoplasmic	343	5,16	39037,4
LOC105631565	XP_012069112.2	STE_STE11	Cytoplasmic	209	5,50	23874,6
LOC105639714	XP_012079238.1	STE_STE11	Cytoplasmic	348	4,82	38916,3
LOC105650089	XP_012092364.1	STE_STE11	Cytoplasmic	480	5,22	53345,5
LOC105633274	XP_020534481.2	STE_STE11	Cytoplasmic	446	4,31	50541,9
LOC105639165	XP_020536964.1	STE_STE11	Cytoplasmic	244	7,27	27691,8
LOC110008694	XP_037491156.1	STE_STE11	Cytoplasmic	241	5,22	27197,7
LOC105629733	XP_037491175.1	STE_STE11	Cytoplasmic	799	5,94	91393,9
LOC105631568	XP_037491181.1	STE_STE11	Cytoplasmic	355	6,28	39678,2
LOC105631566	XP_037491183.1	STE_STE11	Cytoplasmic	254	5,98	28917,8
LOC105631945	XP_037494300.1	STE_STE11	Cytoplasmic	516	6,08	56793,9
LOC105631945	XP_037494301.1	STE_STE11	Cytoplasmic	508	5,85	55773,8
LOC105648097	XP_037495025.1	STE_STE11	Cytoplasmic	424	4,29	47599,4
LOC105632224	XP_020534226.1	STE_STE20-Fray	Cytoplasmic	513	5,89	56946,9
LOC105641191	XP_012081069.1	STE_STE7	Cytoplasmic	322	5,69	36047,1
LOC105638151	XP_012077291.1	TKL_CTR1-DRK-2	Cytoplasmic	955	5,64	105337,7
LOC105638151	XP_020536335.1	TKL_CTR1-DRK-2	Cytoplasmic	972	5,59	107448,9
LOC105631247	XP_012068697.1	TKL-PI-1	Cytoplasmic	1617	6,00	177785,5
LOC105637623	XP_012076533.1	TKL-PI-1	Cytoplasmic	628	7,04	70206,3
LOC105637623	XP_012076534.1	TKL-PI-1	Cytoplasmic	628	7,04	70206,3
LOC105631247	XP_020534036.1	TKL-PI-1	Cytoplasmic	1616	6,00	177698,4
LOC105634841	XP_020535320.1	TKL-PI-1	Cytoplasmic	648	8,38	72549,9
LOC105637623	XP_037493227.1	TKL-PI-1	Cytoplasmic	628	7,04	70206,3
LOC105628518	XP_012065330.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	575	5,69	65143,8
LOC105629128	XP_012066045.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	566	5,13	64279,1
LOC105629128	XP_012066046.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	554	4,92	62626,0
LOC105633846	XP_012071932.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	351	6,69	39578,9
LOC105639439	XP_012078895.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	418	7,75	46823,0
LOC105639440	XP_012078897.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	413	7,93	46205,4

LOC105640306	XP_012079979.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	352	8,25	39992,5
LOC105640391	XP_012080077.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	355	8,17	40464,7
LOC105640401	XP_012080088.2	TKL-PI-4	Cytoplasmic	384	7,10	42708,9
LOC105635281	XP_020535437.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	567	6,99	65078,8
LOC105640391	XP_020537419.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	345	8,95	39222,8
LOC105640391	XP_020537420.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	285	9,17	32295,5
LOC105628518	XP_037492898.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	548	5,79	62004,6
LOC105628518	XP_037492900.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	538	5,99	61057,8
LOC105635281	XP_037493592.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	588	7,17	67439,4
LOC105635281	XP_037493593.1	TKL-PI-4	Cytoplasmic	552	6,84	63066,8
LOC105629538	XP_012066539.1	TKL-PI-5	Cytoplasmic	462	6,30	52590,6
LOC105629538	XP_037496374.1	TKL-PI-5	Cytoplasmic	394	5,56	44497,3
LOC105628498	XP_012065306.1	TKL-PI-6	Cytoplasmic	1118	5,58	124879,2
LOC105628498	XP_020532728.1	TKL-PI-6	Cytoplasmic	1118	5,58	124879,2
LOC105638371	XP_012077553.2	TKL-PI-8	Cytoplasmic	454	6,15	51602,6
LOC105641482	XP_012081422.1	WNK_NRBP	Cytoplasmic	310	4,76	35190,7
LOC105641482	XP_012081423.1	WNK_NRBP	Cytoplasmic	310	4,76	35190,7
LOC105642815	XP_012083154.1	WNK_NRBP	Cytoplasmic	718	4,78	74405,4
LOC105641482	XP_020537909.1	WNK_NRBP	Cytoplasmic	314	4,76	35619,2
LOC105641482	XP_020537910.1	WNK_NRBP	Cytoplasmic	310	4,76	35190,7
LOC105642815	XP_020538427.1	WNK_NRBP	Cytoplasmic	606	4,84	68825,0
LOC105648044	XP_037491857.1	WNK_NRBP	Cytoplasmic	468	8,06	52058,2
LOC105650692	XP_012093027.1	RLK-Pelle_DLSV	Extracellular	400	6,37	44212,6
LOC105633483	XP_037493223.1	RLK-Pelle_DLSV	Extracellular	158	-	-
LOC105648351	XP_012090100.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	Extracellular	604	7,14	66291,8
LOC105640723	XP_012080508.1	RLK-Pelle_LRR-II	Extracellular	621	7,81	66114,7
LOC105642059	XP_012082132.1	RLK-Pelle_LRR-III	Extracellular	675	8,29	71116,7
LOC105643130	XP_012083586.1	RLK-Pelle_LRR-IV	Extracellular	673	7,41	71224,6
LOC105639116	XP_020536968.1	RLK-Pelle_LRR-IX	Extracellular	917	6,14	97263,0
LOC105649039	XP_012090953.1	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	Extracellular	964	5,84	102716,0
LOC105649039	XP_020540891.1	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	Extracellular	890	6,24	91438,7
LOC105641923	XP_012081968.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	Extracellular	1018	5,84	109995,6
LOC105629059	XP_012065964.2	RLK-Pelle_LRR-XI-1	Extracellular	1296	5,40	136179,5
LOC105639912	XP_012079496.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	Extracellular	1013	6,03	108306,9
LOC105648871	XP_012090763.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	Extracellular	946	6,65	101490,8
LOC105650142	XP_020541127.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	Extracellular	992	5,14	106815,1

LOC105649101	XP_037494677.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	Extracellular	996	8,34	104790,5
LOC105635144	XP_012073533.1	RLK-Pelle_LysM	Extracellular	652	6,90	68289,9
LOC105635144	XP_020535420.1	RLK-Pelle_LysM	Extracellular	652	6,90	68289,9
LOC105635144	XP_020535421.1	RLK-Pelle_LysM	Extracellular	652	6,90	68289,9
LOC105635144	XP_037493657.1	RLK-Pelle_LysM	Extracellular	652	6,90	68289,9
LOC105650383	XP_037491046.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Extracellular	191	6,67	21230,7
LOC119370441	XP_037494544.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Extracellular	130	-	-
LOC105635572	XP_037494556.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Extracellular	241	8,27	26580,4
LOC105630345	XP_012067543.1	RLK-Pelle_RLCK-X	Extracellular	456	7,07	48513,0
LOC105650427	XP_012092717.3	RLK-Pelle_URK-2	Extracellular	573	7,93	63943,7
LOC105642323	XP_012082521.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	Extracellular	630	8,32	70219,3
LOC105649240	XP_012091224.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	Extracellular	628	6,33	66513,9
LOC119369137	XP_037491013.1	STE_STE11	Extracellular	128	-	-
LOC119369198	XP_037491184.1	STE_STE11	Extracellular	147	-	-
LOC119369614	XP_037492125.1	STE_STE11	Extracellular	199	9,04	22104,1
LOC119370096	XP_037493424.1	STE_STE11	Extracellular	132	-	-
LOC119370410	XP_037494456.1	STE_STE11	Extracellular	130	-	-
LOC119370437	XP_037494539.1	STE_STE11	Extracellular	135	-	-
LOC119370875	XP_037495786.1	STE_STE11	Extracellular	146	-	-
LOC105632411	XP_012070178.1	AGC_RSK-2	Mitochondrial	549	9,12	60515,1
LOC105648251	XP_012089961.2	AGC_RSK-2	Mitochondrial	466	9,77	52915,2
LOC105632411	XP_020534303.1	AGC_RSK-2	Mitochondrial	492	8,65	54426,1
LOC105643097	XP_012083545.1	Aur	Mitochondrial	284	9,67	33374,7
LOC105632073	XP_012069743.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Mitochondrial	442	8,65	49295,0
LOC105632151	XP_012069858.1	CK1_CK1	Mitochondrial	464	-	-
LOC105637761	XP_012076747.1	CK1_CK1	Mitochondrial	426	9,70	47844,8
LOC105637761	XP_012076748.1	CK1_CK1	Mitochondrial	426	9,70	47844,8
LOC105637899	XP_012076957.1	CK1_CK1	Mitochondrial	477	9,94	53284,6
LOC105638242	XP_012077412.1	CK1_CK1	Mitochondrial	427	9,82	48016,2
LOC105644516	XP_012085285.1	CK1_CK1	Mitochondrial	456	-	-
LOC105647747	XP_012089341.1	CK1_CK1	Mitochondrial	463	9,97	52459,0
LOC105647747	XP_012089342.1	CK1_CK1	Mitochondrial	462	9,97	52330,9
LOC105647747	XP_012089343.1	CK1_CK1	Mitochondrial	462	9,97	52387,9
LOC105647747	XP_012089344.1	CK1_CK1	Mitochondrial	461	9,97	52259,8
LOC105631550	XP_012069093.1	CK1_CK1-PI	Mitochondrial	721	9,04	79713,3
LOC105637701	XP_012076668.1	CK1_CK1-PI	Mitochondrial	666	9,77	74123,6

LOC105637701	XP_012076669.1	CK1_CK1-PI	Mitochondrial	664	9,77	73864,3
LOC105631550	XP_020533916.1	CK1_CK1-PI	Mitochondrial	717	9,05	79195,7
LOC105639833	XP_012079387.1	CMGC_CK2	Mitochondrial	432	9,58	50500,1
LOC105636251	XP_012074870.1	CMGC_CLK	Mitochondrial	437	9,29	50945,9
LOC105640289	XP_012079958.1	CMGC_CLK	Mitochondrial	433	9,37	50009,5
LOC105640289	XP_012079960.1	CMGC_CLK	Mitochondrial	329	9,19	38334,7
LOC105644683	XP_012085505.1	CMGC_CLK	Mitochondrial	436	9,06	50801,3
LOC105636251	XP_020535850.1	CMGC_CLK	Mitochondrial	224	8,19	26025,9
LOC105640289	XP_020537564.1	CMGC_CLK	Mitochondrial	234	9,25	26933,9
LOC105640289	XP_020537565.1	CMGC_CLK	Mitochondrial	234	9,25	26933,9
LOC105628770	XP_037494167.1	RLK-Pelle_CR4L	Mitochondrial	456	9,76	50442,2
LOC105644183	XP_037497115.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	Mitochondrial	453	-	-
LOC105628866	XP_012065734.1	RLK-Pelle_DLSV	Mitochondrial	403	8,16	44599,2
LOC105646609	XP_012087882.1	RLK-Pelle_DLSV	Mitochondrial	387	8,73	42693,7
LOC105628866	XP_020532916.1	RLK-Pelle_DLSV	Mitochondrial	402	8,36	44470,1
LOC105637010	XP_037492185.1	RLK-Pelle_DLSV	Mitochondrial	86	-	-
LOC119369651	XP_037492212.1	RLK-Pelle_DLSV	Mitochondrial	165	-	-
LOC105633609	XP_037493003.1	RLK-Pelle_DLSV	Mitochondrial	407	9,05	46021,0
LOC105631039	XP_037491805.1	RLK-Pelle_L-LEC	Mitochondrial	236	6,21	26642,4
LOC119369871	XP_037492725.1	RLK-Pelle_L-LEC	Mitochondrial	280	7,96	32249,8
LOC105645608	XP_012086644.1	RLK-Pelle_LRR-III	Mitochondrial	754	8,16	74369,0
LOC119370905	XP_037495919.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	Mitochondrial	204	9,65	23212,5
LOC105640279	XP_012079944.1	RLK-Pelle_LRR-XI-2	Mitochondrial	639	9,50	68067,3
LOC105647309	XP_012088723.1	RLK-Pelle_LRR-XI-2	Mitochondrial	400	8,90	41077,4
LOC105628062	XP_012064770.1	RLK-Pelle_LysM	Mitochondrial	444	9,67	49252,5
LOC105630932	XP_012068324.1	RLK-Pelle_RLCK-IV	Mitochondrial	453	-	-
LOC105642956	XP_012083346.1	RLK-Pelle_RLCK-IV	Mitochondrial	417	9,38	46565,5
LOC105650056	XP_012092323.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Mitochondrial	425	9,40	48008,6
LOC105650056	XP_012092324.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Mitochondrial	425	9,40	48008,6
LOC105650056	XP_020540989.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Mitochondrial	425	9,40	48008,6
LOC105635180	XP_020535582.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Mitochondrial	373	9,26	41341,5
LOC105632709	XP_012070539.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	415	9,63	46294,4
LOC105635223	XP_012073644.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	424	9,57	47489,3
LOC105636302	XP_012074945.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	392	9,75	43570,1
LOC105640084	XP_012079696.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	417	9,25	46121,5
LOC105644846	XP_012085727.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	393	9,97	44108,6

LOC105647627	XP_012089179.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	415	9,79	46232,9
LOC105649759	XP_012091915.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	395	-	-
LOC105649759	XP_037492159.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	414	-	-
LOC105649759	XP_037492161.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	408	-	-
LOC105650276	XP_037493321.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	431	-	-
LOC105650276	XP_037493322.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	431	-	-
LOC105634938	XP_037494555.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	269	9,53	29918,8
LOC105640083	XP_037495474.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	324	9,30	36982,6
LOC105642240	XP_037496366.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	427	9,96	48123,0
LOC105636303	XP_037496764.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Mitochondrial	347	9,46	39019,7
LOC105649851	XP_012092052.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIb	Mitochondrial	363	9,08	40891,8
LOC105630932	XP_020533767.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	Mitochondrial	436	-	-
LOC119369907	XP_037492793.1	STE_STE11	Mitochondrial	159	-	-
LOC105639059	XP_012078384.1	STE_STE7	Mitochondrial	324	6,93	36592,4
LOC105649958	XP_012092196.1	TKL-PI-4	Mitochondrial	226	9,73	25251,2
LOC105630485	XP_012067699.1	TKL-PI-5	Mitochondrial	439	8,25	49313,1
LOC105636662	XP_012075375.1	TKL-PI-5	Mitochondrial	494	9,60	55810,6
LOC105636662	XP_012075376.1	TKL-PI-5	Mitochondrial	473	9,40	53533,2
LOC105648865	XP_020540672.1	AGC_MAST	Nuclear	1115	5,15	125502,3
LOC105648865	XP_037491788.1	AGC_MAST	Nuclear	998	5,27	112438,7
LOC105632148	XP_012069854.1	AGC_NDR	Nuclear	548	8,18	63221,6
LOC105632148	XP_012069855.1	AGC_NDR	Nuclear	548	8,18	63221,6
LOC105637915	XP_012076975.1	AGC_NDR	Nuclear	553	5,17	63756,4
LOC105637915	XP_012076976.1	AGC_NDR	Nuclear	518	5,12	59907,4
LOC105644517	XP_012085286.1	AGC_NDR	Nuclear	554	5,49	64487,1
LOC105644517	XP_012085287.1	AGC_NDR	Nuclear	554	5,49	64487,1
LOC105644517	XP_012085288.1	AGC_NDR	Nuclear	554	5,49	64487,1
LOC105632148	XP_020534150.1	AGC_NDR	Nuclear	548	8,18	63221,6
LOC105632148	XP_020534151.1	AGC_NDR	Nuclear	548	8,18	63221,6
LOC105632148	XP_020534152.1	AGC_NDR	Nuclear	548	8,18	63221,6
LOC105632148	XP_020534153.1	AGC_NDR	Nuclear	442	6,61	50788,0
LOC105644517	XP_037497762.1	AGC_NDR	Nuclear	554	5,49	64487,1
LOC105644517	XP_037497763.1	AGC_NDR	Nuclear	554	5,49	64487,1
LOC105637764	XP_012076755.1	AGC_PKA-PKG	Nuclear	1094	4,97	121135,9
LOC105637764	XP_012076756.1	AGC_PKA-PKG	Nuclear	1094	4,97	121135,9
LOC105637764	XP_012076757.1	AGC_PKA-PKG	Nuclear	1094	4,97	121135,9

LOC105637764	XP_020536383.1	AGC_PKA-PKG	Nuclear	973	4,85	107476,2
LOC105628172	XP_012064926.1	AGC_RSK-2	Nuclear	1009	6,25	113355,1
LOC105628172	XP_012064927.1	AGC_RSK-2	Nuclear	1009	6,25	113355,1
LOC105628172	XP_012064928.1	AGC_RSK-2	Nuclear	1009	6,25	113355,1
LOC105629469	XP_012066457.1	AGC_RSK-2	Nuclear	972	8,94	106372,2
LOC105633112	XP_012071042.1	AGC_RSK-2	Nuclear	605	8,40	66530,4
LOC105633112	XP_012071043.1	AGC_RSK-2	Nuclear	605	8,40	66530,4
LOC105633112	XP_012071044.1	AGC_RSK-2	Nuclear	605	8,40	66530,4
LOC105633112	XP_012071045.1	AGC_RSK-2	Nuclear	605	8,40	66530,4
LOC105633112	XP_012071046.1	AGC_RSK-2	Nuclear	605	8,40	66530,4
LOC105633112	XP_012071047.1	AGC_RSK-2	Nuclear	605	8,40	66530,4
LOC105633930	XP_012072017.1	AGC_RSK-2	Nuclear	671	6,59	74095,4
LOC105636885	XP_012075668.1	AGC_RSK-2	Nuclear	458	9,15	51763,5
LOC105637088	XP_012075875.1	AGC_RSK-2	Nuclear	843	8,11	92575,7
LOC105637088	XP_012075876.1	AGC_RSK-2	Nuclear	843	8,11	92575,7
LOC105637088	XP_012075877.1	AGC_RSK-2	Nuclear	843	8,11	92575,7
LOC105637090	XP_012075878.1	AGC_RSK-2	Nuclear	443	6,15	48997,7
LOC105637816	XP_020535655.1	AGC_RSK-2	Nuclear	906	7,19	101954,5
LOC105637816	XP_020535673.1	AGC_RSK-2	Nuclear	879	7,39	98749,2
LOC105640457	XP_012080162.1	AGC-PI	Nuclear	463	7,04	51934,4
LOC105640457	XP_020537521.1	AGC-PI	Nuclear	463	7,04	51934,4
LOC105644235	XP_012084908.1	CAMK_CAMK1-DCAMKL	Nuclear	512	6,03	57520,5
LOC105628484	XP_012065288.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Nuclear	464	6,17	52170,9
LOC105643632	XP_012084204.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Nuclear	440	7,36	49515,7
LOC105643632	XP_012084205.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Nuclear	388	6,01	43734,5
LOC105643632	XP_037494764.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Nuclear	447	7,33	50354,6
LOC105643632	XP_037494765.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Nuclear	412	8,31	46488,7
LOC105643632	XP_037494766.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Nuclear	405	8,41	45649,8
LOC105643632	XP_037494767.1	CAMK_CAMKL-CHK1	Nuclear	395	6,01	44573,4
LOC105629011	XP_012065919.1	CAMK_CDPK	Nuclear	572	9,31	64577,4
LOC105630669	XP_012067947.1	CAMK_CDPK	Nuclear	466	8,30	50938,7
LOC105634224	XP_012072441.1	CAMK_CDPK	Nuclear	595	9,21	66778,3
LOC105643896	XP_012084524.1	CAMK_CDPK	Nuclear	577	8,36	64441,9
LOC105649337	XP_012091348.1	CAMK_CDPK	Nuclear	562	6,23	63312,9
LOC105631620	XP_020533947.1	CAMK_CDPK	Nuclear	467	8,14	51906,7
LOC105634224	XP_037497664.1	CAMK_CDPK	Nuclear	559	9,24	62603,9

LOC105634237	XP_012072458.1	CAMK_OST1L	Nuclear	362	4,65	41257,7
LOC105639661	XP_012079172.1	CAMK_OST1L	Nuclear	362	4,50	41091,6
LOC105646102	XP_012087257.1	CAMK_OST1L	Nuclear	355	6,09	40884,5
LOC119369285	XP_037491427.1	CAMK_OST1L	Nuclear	267	4,04	30224,4
LOC105633334	XP_037496367.1	CAMK_OST1L	Nuclear	354	5,84	40630,2
LOC105629688	XP_012066706.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	706	9,99	77910,5
LOC105635613	XP_012074085.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	508	9,58	56772,3
LOC105636636	XP_012075350.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	590	-	-
LOC105638231	XP_012077403.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	642	9,15	71910,8
LOC105640574	XP_012080316.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	687	9,28	76888,5
LOC105644106	XP_012084756.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	697	9,39	78959,4
LOC105644275	XP_012084963.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	713	9,54	79402,5
LOC105647629	XP_012089176.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	569	9,68	63786,1
LOC105647629	XP_012089177.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	569	9,68	63786,1
LOC105635504	XP_020535515.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	588	9,90	66173,2
LOC105646927	XP_020540108.1	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	Nuclear	722	9,98	80758,9
LOC105640229	XP_012079880.1	CMGC_CDK-PITSLRE	Nuclear	632	5,58	70576,9
LOC105640229	XP_012079881.1	CMGC_CDK-PITSLRE	Nuclear	632	5,58	70576,9
LOC105640229	XP_012079883.1	CMGC_CDK-PITSLRE	Nuclear	632	5,58	70576,9
LOC105644762	XP_020539154.1	CMGC_CDK-PITSLRE	Nuclear	764	5,95	85978,0
LOC105639820	XP_012079370.1	CMGC_CK2	Nuclear	416	7,37	44907,9
LOC105638284	XP_012077464.1	CMGC_CLK	Nuclear	395	9,00	45696,0
LOC105638284	XP_020536353.1	CMGC_CLK	Nuclear	214	8,28	24358,1
LOC105640819	XP_012080600.1	CMGC_DYRK-PRP4	Nuclear	1160	4,62	129872,3
LOC105642010	XP_012082070.1	CMGC_DYRK-PRP4	Nuclear	1047	8,59	121588,1
LOC105642010	XP_012082071.1	CMGC_DYRK-PRP4	Nuclear	1043	8,59	121174,7
LOC105632499	XP_012070280.1	CMGC_DYRK-YAK	Nuclear	949	8,75	104747,2
LOC105643039	XP_012083467.1	CMGC_GSK	Nuclear	474	7,02	53537,6
LOC105629675	XP_037496842.1	CMGC_GSK	Nuclear	216	9,11	24726,8
LOC105631057	XP_012068439.1	CMGC_MAPK	Nuclear	639	6,48	72394,3
LOC105633840	XP_012071921.1	CMGC_MAPK	Nuclear	372	7,29	42741,5
LOC105633840	XP_012071922.1	CMGC_MAPK	Nuclear	372	7,29	42741,5
LOC105638673	XP_012077899.1	CMGC_MAPK	Nuclear	620	9,29	70849,4
LOC105642944	XP_012083328.1	CMGC_MAPK	Nuclear	370	6,19	42741,5
LOC105645760	XP_012086832.1	CMGC_MAPK	Nuclear	383	6,28	43813,5
LOC105631057	XP_020533797.1	CMGC_MAPK	Nuclear	517	8,05	59030,7

LOC105638673	XP_020536786.1	CMGC_MAPK	Nuclear	621	9,29	70977,6
LOC105638673	XP_020536787.1	CMGC_MAPK	Nuclear	621	9,29	70977,6
LOC105645542	XP_037491195.1	CMGC_MAPK	Nuclear	379	6,37	43794,7
LOC105645542	XP_037491196.1	CMGC_MAPK	Nuclear	379	6,37	43794,7
LOC105645542	XP_037491197.1	CMGC_MAPK	Nuclear	361	6,21	41620,6
LOC105645542	XP_037491198.1	CMGC_MAPK	Nuclear	379	6,33	43771,7
LOC105631057	XP_037495106.1	CMGC_MAPK	Nuclear	639	6,48	72394,3
LOC105637333	XP_012076161.1	CMGC_SRPK	Nuclear	533	7,08	60155,0
LOC105642336	XP_012082536.1	CMGC_SRPK	Nuclear	550	6,17	62112,4
LOC105637333	XP_020536265.1	CMGC_SRPK	Nuclear	469	8,12	52824,0
LOC105637333	XP_020536266.1	CMGC_SRPK	Nuclear	448	7,78	50515,6
LOC105637333	XP_037492022.1	CMGC_SRPK	Nuclear	533	7,08	60155,0
LOC105632339	XP_012070083.1	Group-PI-2	Nuclear	990	9,39	111471,2
LOC105632339	XP_020534290.1	Group-PI-2	Nuclear	998	9,35	112413,1
LOC105632339	XP_020534291.1	Group-PI-2	Nuclear	997	9,39	112284,0
LOC105642761	XP_012083086.1	Group-PI-3	Nuclear	654	5,48	72605,8
LOC105642761	XP_020538489.1	Group-PI-3	Nuclear	539	5,08	59512,2
LOC105646692	XP_020539993.1	Group-PI-3	Nuclear	721	6,37	80221,1
LOC105635200	XP_012073611.1	IRE1	Nuclear	915	6,16	101019,6
LOC105635200	XP_020535380.1	IRE1	Nuclear	773	6,26	87269,0
LOC105650344	XP_012092619.1	NAK	Nuclear	669	6,42	74871,7
LOC105634725	XP_012073015.1	NEK	Nuclear	641	5,12	71200,2
LOC105634725	XP_012073016.1	NEK	Nuclear	641	5,12	71200,2
LOC105640054	XP_012079652.1	NEK	Nuclear	961	6,27	105773,5
LOC105648256	XP_012089969.1	NEK	Nuclear	498	9,05	56780,7
LOC105640054	XP_020537353.1	NEK	Nuclear	961	6,27	105773,5
LOC105640054	XP_020537354.1	NEK	Nuclear	961	6,27	105773,5
LOC105647675	XP_037497629.1	NEK	Nuclear	608	9,64	68435,9
LOC105628376	XP_012065155.1	PEK_GCN2	Nuclear	1268	5,58	142780,5
LOC105628376	XP_012065156.1	PEK_GCN2	Nuclear	1243	5,51	139891,6
LOC105644276	XP_012084964.1	PEK_PEK	Nuclear	908	5,76	102353,0
LOC105644276	XP_020538923.1	PEK_PEK	Nuclear	915	5,80	103161,0
LOC105644276	XP_020538924.1	PEK_PEK	Nuclear	915	5,80	103161,0
LOC105644276	XP_020538925.1	PEK_PEK	Nuclear	915	5,80	103161,0
LOC105644276	XP_020538926.1	PEK_PEK	Nuclear	915	5,80	103161,0
LOC105644276	XP_037491151.1	PEK_PEK	Nuclear	915	5,80	103161,0

LOC119369084	XP_037497130.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	Nuclear	365	6,06	41059,5
LOC105643762	XP_037497131.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	Nuclear	362	6,57	40359,9
LOC105634091	XP_012072264.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	397	9,53	44619,1
LOC105639199	XP_012078566.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	440	8,04	48671,0
LOC105639199	XP_012078567.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	438	8,04	48471,8
LOC105639199	XP_012078568.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	392	7,59	43248,1
LOC105639199	XP_020536992.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	421	7,83	46609,9
LOC105639199	XP_020536993.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	392	7,59	43248,1
LOC105639199	XP_020536994.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	392	7,59	43248,1
LOC105639199	XP_020536995.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	392	7,59	43248,1
LOC105639199	XP_020536996.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	392	7,59	43248,1
LOC105647141	XP_037492977.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	1052	6,56	115556,3
LOC105647141	XP_037492978.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	1052	6,56	115556,3
LOC105647141	XP_037492980.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	1029	6,44	112999,6
LOC105633219	XP_037493481.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	542	8,44	60944,3
LOC105633220	XP_037493635.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	621	7,73	70538,5
LOC105645481	XP_037495053.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	376	5,87	42113,1
LOC105638628	XP_037495902.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	613	8,41	69446,2
LOC119371458	XP_037497557.1	RLK-Pelle_DLSV	Nuclear	185	7,69	20750,2
LOC105637885	XP_012076933.2	RLK-Pelle_Extensin	Nuclear	1213	8,25	126426,1
LOC105637885	XP_012076936.2	RLK-Pelle_Extensin	Nuclear	1207	8,25	125877,6
LOC105637885	XP_012076937.2	RLK-Pelle_Extensin	Nuclear	1206	8,12	125677,2
LOC105637885	XP_012076938.2	RLK-Pelle_Extensin	Nuclear	1140	7,81	118630,3
LOC105633180	XP_012071146.1	RLK-Pelle_L-LEC	Nuclear	830	8,81	94063,1
LOC105631208	XP_012068631.1	RLK-Pelle_LRR-III	Nuclear	598	6,58	65086,6
LOC105636927	XP_012075725.1	RLK-Pelle_LRR-III	Nuclear	715	6,08	76152,7
LOC105641406	XP_012081326.1	RLK-Pelle_LRR-III	Nuclear	671	8,78	69547,9
LOC105644425	XP_012085161.1	RLK-Pelle_LRR-III	Nuclear	684	5,99	74809,8
LOC105646128	XP_012087298.1	RLK-Pelle_LRR-III	Nuclear	639	7,34	67827,2
LOC105646030	XP_020539534.1	RLK-Pelle_LRR-III	Nuclear	339	8,53	38200,6
LOC105643987	XP_037492265.1	RLK-Pelle_LRR-III	Nuclear	573	5,86	61421,6
LOC105646030	XP_037495065.1	RLK-Pelle_LRR-III	Nuclear	332	9,35	37474,8
LOC105631309	XP_012068778.1	RLK-Pelle_LRR-V	Nuclear	714	5,93	77430,9
LOC105646982	XP_037495639.1	RLK-Pelle_LRR-V	Nuclear	810	6,08	84176,3
LOC105639479	XP_037496979.1	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	Nuclear	796	8,67	87409,7
LOC105634182	XP_012072390.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	Nuclear	1133	5,84	120853,1

LOC105629215	XP_012066149.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	Nuclear	1097	5,27	119310,5
LOC105630278	XP_012067452.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	Nuclear	1105	5,42	120130,4
LOC105630772	XP_012068112.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	Nuclear	974	5,66	105127,1
LOC105639909	XP_012079493.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	Nuclear	986	5,92	106479,2
LOC105640113	XP_012079733.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	Nuclear	971	6,25	108050,3
LOC105632173	XP_012069889.2	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	650	7,71	68955,1
LOC105633943	XP_012072040.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	606	9,17	64829,9
LOC105634805	XP_012073116.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	1334	7,40	152714,2
LOC105634805	XP_012073117.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	961	8,29	109270,7
LOC105634991	XP_012073359.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	567	5,88	61078,7
LOC105635047	XP_012073428.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	1289	6,66	147285,7
LOC105637723	XP_012076697.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	662	8,59	69764,5
LOC105641943	XP_012081990.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	763	7,82	79462,9
LOC105646816	XP_012088147.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	732	5,84	77418,2
LOC105632173	XP_020534647.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	650	7,71	68955,1
LOC105632173	XP_020534657.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	628	7,71	66796,1
LOC105635047	XP_020535217.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	1111	8,12	127959,6
LOC105635047	XP_020535218.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	1099	7,96	126375,7
LOC105641943	XP_020538098.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	763	7,82	79462,9
LOC105634991	XP_037493476.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	571	5,88	61421,1
LOC105644966	XP_037496822.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	770	5,25	82242,4
LOC105633943	XP_037497739.1	RLK-Pelle_PERK-1	Nuclear	606	9,17	64829,9
LOC105629186	XP_012066120.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	594	6,61	67697,9
LOC105631483	XP_012069004.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	750	5,97	77833,1
LOC105631483	XP_012069005.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	750	5,97	77833,1
LOC105631657	XP_012069224.2	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	685	9,17	76892,0
LOC105633432	XP_012071405.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	526	5,26	58743,3
LOC105633720	XP_012071748.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	721	8,15	80622,8
LOC105637859	XP_012076895.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	680	6,88	75925,5
LOC105631657	XP_020534005.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	674	9,09	75796,9
LOC105633720	XP_020534864.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	620	7,73	69491,4
LOC105637859	XP_020536575.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	593	6,23	66475,7
LOC105629186	XP_037491556.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	594	6,61	67697,9
LOC105629186	XP_037491557.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	544	7,08	61992,0
LOC105643297	XP_037494538.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	605	8,07	61586,3
LOC105637223	XP_037495413.1	RLK-Pelle_PERK-2	Nuclear	715	9,64	81584,4

LOC105649108	XP_012091054.1	RLK-Pelle_RLCK-II	Nuclear	544	9,64	59992,2
LOC105628253	XP_012065026.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	843	7,71	94317,5
LOC105631425	XP_012068933.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	741	7,71	82686,0
LOC105637436	XP_012076281.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	785	7,20	87272,1
LOC105641693	XP_012081674.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	798	8,63	91234,0
LOC105642977	XP_012083380.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	903	5,88	100867,9
LOC105642977	XP_012083381.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	903	5,88	100881,9
LOC105642977	XP_012083382.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	902	5,88	100739,8
LOC105642977	XP_012083383.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	879	5,81	98143,1
LOC105648642	XP_012090488.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	812	6,57	91004,4
LOC105648642	XP_012090489.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	812	6,57	91004,4
LOC105648642	XP_012090490.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	812	6,57	91004,4
LOC105649237	XP_012091219.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	775	6,12	86815,6
LOC105631425	XP_020534025.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	805	8,53	89779,3
LOC105631425	XP_020534027.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	771	8,69	86066,7
LOC105631425	XP_020534028.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	756	7,71	84403,8
LOC105631425	XP_020534029.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	666	8,39	74906,2
LOC105638378	XP_020536636.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	751	8,70	83771,5
LOC105642977	XP_020538286.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	904	5,88	101010,0
LOC105642977	XP_020538287.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	880	5,81	98285,2
LOC105642977	XP_020538288.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	848	5,92	94742,8
LOC105649237	XP_020540934.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	774	6,05	86659,4
LOC105649237	XP_020540935.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	734	5,70	82333,3
LOC105648642	XP_037492287.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	812	6,57	91004,4
LOC105648642	XP_037492288.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	812	6,57	91004,4
LOC105638378	XP_037492897.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	756	8,59	84420,1
LOC105646127	XP_037493551.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	774	6,55	86184,5
LOC105631425	XP_037497518.1	RLK-Pelle_RLCK-IXb	Nuclear	666	8,39	74906,2
LOC105635414	XP_020535410.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Nuclear	681	5,67	76934,9
LOC105635414	XP_020535412.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Nuclear	607	6,73	68182,3
LOC105639002	XP_020536907.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Nuclear	761	6,31	83648,7
LOC105641787	XP_020538000.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Nuclear	677	5,64	75515,2
LOC105647838	XP_020540237.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Nuclear	502	9,21	56590,0
LOC105647838	XP_020540238.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Nuclear	490	9,30	55304,6
LOC105641787	XP_037492637.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Nuclear	677	5,64	75515,2
LOC105641054	XP_037495772.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Nuclear	526	8,94	59376,6

LOC105641054	XP_037495773.1	RLK-Pelle_RLCK-VI	Nuclear	451	9,43	50922,0
LOC105628170	XP_012064924.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Nuclear	411	8,04	45506,2
LOC105631816	XP_012069392.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Nuclear	516	9,05	56596,5
LOC105644862	XP_012085744.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Nuclear	456	7,26	50817,9
LOC105644938	XP_012085838.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Nuclear	419	6,56	46146,5
LOC105647803	XP_020540295.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	Nuclear	480	4,56	53224,8
LOC105628562	XP_012065386.2	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	412	9,60	45334,6
LOC105631671	XP_012068874.2	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	461	9,14	52291,2
LOC105634912	XP_012073259.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	335	8,52	37637,6
LOC105634912	XP_012073267.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	335	8,52	37637,6
LOC105636649	XP_012075363.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	388	9,69	43764,6
LOC105637968	XP_012077054.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	471	9,19	53026,0
LOC105638069	XP_012077177.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	441	6,61	49817,9
LOC105641151	XP_012081028.2	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	478	9,87	53205,8
LOC105641296	XP_012081202.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	447	9,74	49932,9
LOC105643254	XP_012083746.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	426	9,72	48364,4
LOC105643697	XP_012084274.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	439	7,27	49123,6
LOC105643697	XP_012084275.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	438	7,27	49052,6
LOC105649049	XP_012090964.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	433	9,03	47823,6
LOC105649776	XP_012091941.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	494	9,41	54201,5
LOC105634959	XP_020535303.2	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	341	8,71	37917,8
LOC105638069	XP_020536642.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	432	6,40	48673,7
LOC105648464	XP_037491047.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	156	-	-
LOC105647044	XP_037494348.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	247	9,13	28719,7
LOC105643254	XP_037495968.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	426	9,72	48364,4
LOC119371391	XP_037497338.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	Nuclear	152	-	-
LOC105630306	XP_012067489.1	RLK-Pelle_RLCK-XI	Nuclear	718	8,12	81462,8
LOC105643087	XP_012083532.1	RLK-Pelle_RLCK-XI	Nuclear	671	9,43	75773,0
LOC105643087	XP_012083533.1	RLK-Pelle_RLCK-XI	Nuclear	671	9,43	75773,0
LOC105648548	XP_012090359.2	RLK-Pelle_RLCK-XI	Nuclear	704	9,51	79061,9
LOC105643087	XP_020538376.1	RLK-Pelle_RLCK-XI	Nuclear	671	9,43	75773,0
LOC105635252	XP_012073679.1	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	Nuclear	509	5,64	57597,0
LOC105646432	XP_012087677.1	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	Nuclear	500	5,67	56369,0
LOC105646671	XP_012087964.1	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	Nuclear	491	6,42	55380,2
LOC105643282	XP_037495923.1	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	Nuclear	418	5,94	47070,9
LOC105628071	XP_012064780.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2

LOC105628071	XP_012064781.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_012064782.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_012064783.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	689	7,70	73790,0
LOC105628071	XP_012064785.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	689	7,70	73790,0
LOC105628071	XP_012064786.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	689	7,70	73790,0
LOC105628071	XP_012064787.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	689	7,70	73790,0
LOC105628071	XP_012064788.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	689	7,70	73790,0
LOC105628071	XP_012064789.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	689	7,70	73790,0
LOC105628071	XP_020532560.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_020532561.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_020532562.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_020532563.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_020532564.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_020532565.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_020532566.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_020532568.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_020532569.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	691	7,55	73976,2
LOC105628071	XP_037497937.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	650	7,82	69465,9
LOC105628071	XP_037497938.1	RLK-Pelle_RLCK-XVI	Nuclear	650	7,82	69465,9
LOC105629381	XP_012066360.1	RLK-Pelle_URK-1	Nuclear	301	9,95	34374,6
LOC105629381	XP_020533086.1	RLK-Pelle_URK-1	Nuclear	303	-	-
LOC119369189	XP_037491147.1	RLK-Pelle_WAK	Nuclear	740	5,32	84051,3
LOC105647181	XP_012088575.2	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	Nuclear	641	6,47	67393,6
LOC105637836	XP_012076860.1	SCY1_SCYL2	Nuclear	929	7,08	101071,8
LOC105628781	XP_012065654.1	STE_STE11	Nuclear	633	5,62	69747,1
LOC105629174	XP_012066102.1	STE_STE11	Nuclear	477	8,27	53174,1
LOC105629578	XP_012066579.1	STE_STE11	Nuclear	644	9,37	69445,0
LOC105630396	XP_012067586.1	STE_STE11	Nuclear	376	4,72	41738,7
LOC105633688	XP_012071712.1	STE_STE11	Nuclear	758	8,94	83022,6
LOC105638877	XP_012078154.1	STE_STE11	Nuclear	575	5,46	64246,0
LOC105638877	XP_012078155.1	STE_STE11	Nuclear	575	5,46	64246,0
LOC105639671	XP_012079184.1	STE_STE11	Nuclear	735	9,18	79594,7
LOC105639671	XP_012079185.1	STE_STE11	Nuclear	681	9,04	74013,2
LOC105645790	XP_012086875.1	STE_STE11	Nuclear	893	9,25	96600,6
LOC105645790	XP_012086877.1	STE_STE11	Nuclear	893	9,25	96600,6
LOC105645790	XP_012086879.1	STE_STE11	Nuclear	893	9,25	96600,6

LOC105648445	XP_012090220.1	STE_STE11	Nuclear	888	9,73	95820,9
LOC105630396	XP_020533543.1	STE_STE11	Nuclear	347	4,56	38402,0
LOC105645790	XP_020539543.1	STE_STE11	Nuclear	893	9,25	96600,6
LOC105645790	XP_020539545.1	STE_STE11	Nuclear	893	9,25	96600,6
LOC105645790	XP_020539546.1	STE_STE11	Nuclear	891	9,25	96426,5
LOC105648445	XP_020540844.1	STE_STE11	Nuclear	888	9,73	95820,9
LOC105648445	XP_020540845.1	STE_STE11	Nuclear	888	9,73	95820,9
LOC105648445	XP_020540846.1	STE_STE11	Nuclear	884	9,69	95409,4
LOC105645543	XP_037491159.1	STE_STE11	Nuclear	766	6,34	87647,1
LOC105629767	XP_037491164.1	STE_STE11	Nuclear	892	6,50	102203,9
LOC105645790	XP_037495625.1	STE_STE11	Nuclear	893	9,25	96600,6
LOC105630271	XP_012067443.1	STE_STE20-Fray	Nuclear	694	6,07	77112,6
LOC105630271	XP_012067444.1	STE_STE20-Fray	Nuclear	689	6,06	76584,1
LOC105641495	XP_012081446.1	STE_STE20-Fray	Nuclear	688	6,11	77089,9
LOC105630271	XP_020533533.1	STE_STE20-Fray	Nuclear	558	6,64	62382,3
LOC105641495	XP_037492807.1	STE_STE20-Fray	Nuclear	505	5,92	56600,8
LOC105645574	XP_037495565.1	STE_STE20-Fray	Nuclear	728	6,40	80793,7
LOC105630562	XP_012067803.1	STE_STE20-PI	Nuclear	812	4,90	89481,5
LOC105630562	XP_012067804.1	STE_STE20-PI	Nuclear	811	4,90	89382,4
LOC105637555	XP_012076435.1	STE_STE20-YSK	Nuclear	690	6,76	76034,7
LOC105637555	XP_012076442.1	STE_STE20-YSK	Nuclear	689	6,56	75878,5
LOC105637555	XP_012076449.1	STE_STE20-YSK	Nuclear	657	6,37	72361,1
LOC105637555	XP_020536357.1	STE_STE20-YSK	Nuclear	580	9,77	63831,4
LOC105637830	XP_012076848.1	STE_STE7	Nuclear	354	5,93	39950,9
LOC105637918	XP_012076983.1	STE_STE7	Nuclear	356	6,26	39395,4
LOC105637918	XP_012076984.1	STE_STE7	Nuclear	356	6,26	39395,4
LOC105643741	XP_012084329.1	STE_STE7	Nuclear	352	9,53	39275,1
LOC105629766	XP_020533228.2	STE_STE7	Nuclear	733	5,46	81910,8
LOC105631713	XP_020533959.1	STE_STE7	Nuclear	523	7,62	59280,4
LOC105637918	XP_020536325.1	STE_STE7	Nuclear	326	7,79	36138,1
LOC105631713	XP_037491177.1	STE_STE7	Nuclear	565	8,73	64195,0
LOC105631713	XP_037491178.1	STE_STE7	Nuclear	376	9,26	42822,0
LOC105637830	XP_037493225.1	STE_STE7	Nuclear	354	5,93	39950,9
LOC105634462	XP_012072714.1	TKL_CTR1-DRK-1	Nuclear	821	5,99	92360,9
LOC105634462	XP_012072715.1	TKL_CTR1-DRK-1	Nuclear	791	5,69	88934,5
LOC105630721	XP_012068034.1	TKL_CTR1-DRK-2	Nuclear	958	6,12	107099,7

LOC105630721	XP_012068035.1	TKL_CTR1-DRK-2	Nuclear	958	6,12	107099,7
LOC105631059	XP_012068442.1	TKL_CTR1-DRK-2	Nuclear	1056	5,32	115641,4
LOC105634681	XP_012072957.1	TKL_CTR1-DRK-2	Nuclear	865	5,88	96003,1
LOC105643534	XP_012084067.1	TKL_CTR1-DRK-2	Nuclear	782	6,47	86946,0
LOC105646061	XP_012087219.1	TKL_CTR1-DRK-2	Nuclear	728	5,66	81170,2
LOC105647645	XP_012089199.1	TKL_CTR1-DRK-2	Nuclear	976	6,14	107800,9
LOC105648218	XP_012089932.1	TKL_CTR1-DRK-2	Nuclear	732	6,46	81572,2
LOC105643534	XP_020538666.1	TKL_CTR1-DRK-2	Nuclear	847	8,93	94840,1
LOC105645708	XP_012086764.1	TKL_Gdt	Nuclear	694	9,07	79540,4
LOC105645708	XP_012086765.1	TKL_Gdt	Nuclear	693	9,07	79469,3
LOC105645708	XP_020539722.1	TKL_Gdt	Nuclear	592	9,29	67988,5
LOC105632051	XP_012069716.1	TKL-PI-2	Nuclear	1152	6,03	128803,0
LOC105632051	XP_012069717.1	TKL-PI-2	Nuclear	1141	5,95	127539,6
LOC105632051	XP_012069718.1	TKL-PI-2	Nuclear	1133	5,81	126266,1
LOC105632051	XP_012069719.1	TKL-PI-2	Nuclear	1130	5,81	126076,9
LOC105632051	XP_020534198.1	TKL-PI-2	Nuclear	1130	5,81	126076,9
LOC105632025	XP_012069682.1	TKL-PI-4	Nuclear	387	8,27	43083,0
LOC105632025	XP_012069683.1	TKL-PI-4	Nuclear	329	8,63	36773,3
LOC105639950	XP_012079546.1	TKL-PI-4	Nuclear	371	7,88	42827,6
LOC105641784	XP_012081776.1	TKL-PI-4	Nuclear	378	7,44	42226,1
LOC105649271	XP_012091262.1	TKL-PI-4	Nuclear	373	8,68	42514,8
LOC105649271	XP_012091263.1	TKL-PI-4	Nuclear	373	8,68	42514,8
LOC105649550	XP_012091613.1	TKL-PI-4	Nuclear	495	9,52	56326,7
LOC105649953	XP_012092189.1	TKL-PI-4	Nuclear	400	7,73	44790,6
LOC105649953	XP_012092190.1	TKL-PI-4	Nuclear	396	7,49	44308,1
LOC105632025	XP_020534123.1	TKL-PI-4	Nuclear	321	7,96	35900,8
LOC105639950	XP_020537239.1	TKL-PI-4	Nuclear	293	7,26	33843,5
LOC105649550	XP_020540998.1	TKL-PI-4	Nuclear	495	9,52	56326,7
LOC105649271	XP_020541367.1	TKL-PI-4	Nuclear	373	8,68	42514,8
LOC105644964	XP_037497117.1	TKL-PI-4	Nuclear	338	9,31	38787,2
LOC105645035	XP_037497761.1	TKL-PI-4	Nuclear	585	5,96	65725,3
LOC105645035	XP_037497765.1	TKL-PI-4	Nuclear	578	5,90	64922,5
LOC105643354	XP_012083842.2	TKL-PI-5	Nuclear	413	6,38	46449,1
LOC105649727	XP_012091856.1	TKL-PI-5	Nuclear	452	6,72	51074,2
LOC105643354	XP_020538449.1	TKL-PI-5	Nuclear	413	6,38	46449,1
LOC105650432	XP_037496967.1	TKL-PI-5	Nuclear	400	6,25	46019,1

LOC105641215	XP_012081102.1	TKL-PI-6	Nuclear	1378	5,07	149912,0
LOC105641215	XP_012081103.1	TKL-PI-6	Nuclear	1375	5,07	149624,7
LOC105641215	XP_012081104.1	TKL-PI-6	Nuclear	1371	5,10	149042,2
LOC105644421	XP_012085154.1	TKL-PI-6	Nuclear	1305	5,30	144165,0
LOC105646171	XP_012087363.1	TKL-PI-6	Nuclear	1270	5,32	140659,7
LOC105646171	XP_012087364.1	TKL-PI-6	Nuclear	1269	5,32	140531,5
LOC105646172	XP_012087366.1	TKL-PI-6	Nuclear	1226	4,88	135167,3
LOC105646172	XP_012087367.1	TKL-PI-6	Nuclear	1226	4,88	135167,3
LOC105650377	XP_012092658.1	TKL-PI-6	Nuclear	1113	5,83	126461,4
LOC105644421	XP_020539065.1	TKL-PI-6	Nuclear	1305	5,30	144165,0
LOC105644421	XP_020539066.1	TKL-PI-6	Nuclear	1305	5,30	144165,0
LOC105646171	XP_020539768.1	TKL-PI-6	Nuclear	1239	5,51	137285,5
LOC105646172	XP_020539769.1	TKL-PI-6	Nuclear	1226	4,88	135167,3
LOC105646171	XP_037493568.1	TKL-PI-6	Nuclear	1270	5,32	140659,7
LOC105639498	XP_012078969.1	TKL-PI-7	Nuclear	609	5,31	67813,9
LOC105629355	XP_037496626.1	TLK	Nuclear	669	9,29	75623,5
LOC105638888	XP_012078169.1	TTK	Nuclear	854	6,41	95482,3
LOC105638888	XP_012078170.1	TTK	Nuclear	831	6,95	93110,1
LOC105638888	XP_020536928.1	TTK	Nuclear	807	6,25	90648,6
LOC105638888	XP_020536929.1	TTK	Nuclear	799	6,25	89761,7
LOC105631837	XP_012069420.1	ULK_ULK4	Nuclear	1354	6,45	151455,0
LOC105631837	XP_012069421.1	ULK_ULK4	Nuclear	1354	6,45	151455,0
LOC105642482	XP_012082711.1	WEE	Nuclear	503	6,34	57170,9
LOC105631979	XP_012069618.1	WNK_NRBP	Nuclear	734	5,09	83776,3
LOC105631979	XP_012069619.1	WNK_NRBP	Nuclear	734	5,09	83776,3
LOC105633055	XP_012070964.1	WNK_NRBP	Nuclear	300	5,64	34136,4
LOC105638939	XP_012078244.1	WNK_NRBP	Nuclear	602	6,30	68549,0
LOC105638939	XP_012078252.1	WNK_NRBP	Nuclear	587	6,89	66938,7
LOC105640298	XP_012079969.1	WNK_NRBP	Nuclear	627	4,71	70617,2
LOC105640298	XP_012079971.1	WNK_NRBP	Nuclear	614	4,93	69218,5
LOC105645613	XP_012086647.1	WNK_NRBP	Nuclear	610	4,96	69413,9
LOC105645613	XP_012086648.1	WNK_NRBP	Nuclear	583	4,94	66421,8
LOC105645613	XP_012086649.1	WNK_NRBP	Nuclear	563	5,01	64143,9
LOC105647659	XP_012089217.1	WNK_NRBP	Nuclear	732	5,19	83651,7
LOC105631979	XP_020534118.1	WNK_NRBP	Nuclear	542	4,58	61557,3
LOC105648000	XP_012089632.1	AGC_RSK-2	PlasmaMembrane	453	6,11	50663,2

LOC105634022	XP_012072155.1	CAMK_CAMKL-CHK1	PlasmaMembrane	503	9,22	56663,8
LOC105634022	XP_012072157.1	CAMK_CAMKL-CHK1	PlasmaMembrane	459	9,21	51488,0
LOC105634022	XP_037493383.1	CAMK_CAMKL-CHK1	PlasmaMembrane	377	6,28	42133,1
LOC105645888	XP_012087013.1	CAMK_CDPK	PlasmaMembrane	515	6,36	57125,7
LOC105645888	XP_012087014.1	CAMK_CDPK	PlasmaMembrane	515	6,36	57125,7
LOC105645888	XP_012087015.1	CAMK_CDPK	PlasmaMembrane	515	6,36	57125,7
LOC105645888	XP_012087016.1	CAMK_CDPK	PlasmaMembrane	508	6,29	56409,0
LOC105643612	XP_020538694.2	CMGC_CDKL-Cr	PlasmaMembrane	1677	6,81	186883,6
LOC105637831	XP_012076849.1	CMGC_PI-Tthe	PlasmaMembrane	1547	6,51	173309,2
LOC105644567	XP_037495776.1	CMGC_RCK	PlasmaMembrane	428	5,04	49409,9
LOC105628580	XP_012065416.1	IRE1	PlasmaMembrane	928	6,24	101215,3
LOC105639386	XP_012078821.1	RLK-Pelle_C-LEC	PlasmaMembrane	552	8,86	59127,7
LOC105640112	XP_012079731.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	779	6,02	82595,3
LOC105642211	XP_012082351.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	729	5,37	76635,5
LOC105645383	XP_012086367.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	759	5,34	80005,9
LOC105646253	XP_012087461.2	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	528	6,47	60217,4
LOC105642211	XP_020538172.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	766	5,51	80617,5
LOC105642211	XP_020538173.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	766	5,51	80617,5
LOC105642211	XP_020538174.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	766	5,51	80617,5
LOC105642211	XP_020538175.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	766	5,51	80617,5
LOC105642211	XP_020538176.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	766	5,51	80617,5
LOC105631222	XP_037492614.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	728	7,17	79501,8
LOC105646183	XP_037492711.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	818	7,95	84503,4
LOC105648824	XP_037492714.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	572	5,46	64760,8
LOC110010975	XP_037492715.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	528	6,59	60235,5
LOC105648846	XP_037492716.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	520	5,93	59266,8
LOC105646222	XP_037492719.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	524	7,63	59616,0
LOC105648835	XP_037492721.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	523	6,35	59122,3
LOC105628377	XP_037496122.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	918	7,02	96446,3
LOC105628377	XP_037496123.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	918	7,02	96446,3
LOC105642211	XP_037496355.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	766	5,51	80617,5
LOC105642211	XP_037496356.1	RLK-Pelle_CR4L	PlasmaMembrane	766	5,51	80617,5
LOC105628187	XP_012064945.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	834	5,53	88903,6
LOC105630122	XP_012067214.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	875	5,31	91860,8
LOC105630968	XP_012068357.2	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	690	6,55	77579,8
LOC105630970	XP_012068359.2	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	622	5,65	70314,8

LOC105632799	XP_012070636.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	844	5,10	89565,1
LOC105634793	XP_012073103.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	810	5,99	87628,9
LOC105636848	XP_012075612.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	840	5,40	91072,5
LOC105638815	XP_012078068.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	863	5,55	96945,5
LOC105639777	XP_012079318.2	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	883	5,62	90123,3
LOC105639778	XP_012079319.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	830	6,39	89986,4
LOC105643539	XP_012084077.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	860	6,25	95078,2
LOC105644203	XP_012084868.3	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	398	5,95	42138,9
LOC105640769	XP_020537536.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	1582	7,27	176900,1
LOC105644201	XP_020538871.2	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	213	8,76	21466,2
LOC105644179	XP_020538883.2	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	886	6,49	95509,2
LOC105644203	XP_020538884.2	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	367	6,28	38499,4
LOC110010906	XP_020540474.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	828	5,91	89946,0
LOC105648426	XP_020540740.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	822	7,88	88510,2
LOC119370660	XP_037495166.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	606	9,12	65935,6
LOC119371295	XP_037497078.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	918	5,37	94620,8
LOC105639778	XP_037497089.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	417	6,46	46536,3
LOC105644181	XP_037497114.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	832	4,90	85766,5
LOC119371307	XP_037497120.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	655	7,99	74071,0
LOC105646735	XP_037497122.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	910	6,82	98445,5
LOC105646738	XP_037497134.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	PlasmaMembrane	865	5,38	94731,5
LOC105632843	XP_012070690.2	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	812	7,40	89482,3
LOC105632844	XP_012070691.3	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	832	7,15	90396,7
LOC105632846	XP_012070692.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	824	8,13	89699,3
LOC105635545	XP_012074000.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1041	5,79	111165,8
LOC105635745	XP_012074222.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	567	8,38	61541,9
LOC105636939	XP_012075739.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	521	9,23	57532,4
LOC105639524	XP_012078996.2	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1029	6,99	111461,1
LOC105640597	XP_012080345.2	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	827	7,89	89120,7
LOC105640743	XP_012080529.2	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	698	8,64	70705,4
LOC105641290	XP_012081199.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	669	6,59	70913,9
LOC105644222	XP_012084889.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1030	5,51	110197,3
LOC105644631	XP_012085437.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	649	7,88	72575,9
LOC105644631	XP_012085438.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	649	7,88	72575,9
LOC105644634	XP_012085443.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	657	7,63	69129,0
LOC105649397	XP_012091420.2	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1329	6,66	144352,1

LOC105649421	XP_012091447.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	836	6,39	91022,1
LOC105649424	XP_012091448.2	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	826	6,04	89220,7
LOC105649426	XP_012091451.3	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	837	5,76	90693,7
LOC105629380	XP_020532782.2	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	925	7,83	103864,2
LOC105633230	XP_020534505.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	815	7,03	91815,8
LOC105633230	XP_020534506.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	748	7,71	84314,1
LOC105632843	XP_020534509.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	798	7,41	87925,6
LOC105635083	XP_020535344.2	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	798	7,95	86767,6
LOC105634982	XP_020535352.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	818	6,78	90869,0
LOC105635545	XP_020535540.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1045	5,84	111546,2
LOC105635545	XP_020535541.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1015	6,32	112076,1
LOC105636616	XP_020535940.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1022	4,94	110461,5
LOC105636616	XP_020535941.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1021	4,90	110305,4
LOC105636616	XP_020535943.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1000	4,97	108062,2
LOC105636616	XP_020535944.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	998	4,97	107667,7
LOC105636616	XP_020535945.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	955	5,30	106469,3
LOC105636616	XP_020535946.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	914	5,08	101856,2
LOC110008619	XP_020535950.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1025	5,01	110501,4
LOC105639524	XP_020537152.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1017	6,77	110238,8
LOC105639524	XP_020537153.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	981	7,20	106204,8
LOC105639524	XP_020537154.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	962	6,99	103866,3
LOC105639524	XP_020537155.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	957	6,57	107568,4
LOC105640597	XP_020537544.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	818	8,01	87887,5
LOC105643988	XP_020538837.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	828	8,55	91235,1
LOC105644222	XP_020538911.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	942	5,76	103697,9
LOC105650107	XP_020541019.2	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	659	6,05	71159,4
LOC105650128	XP_020541021.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1667	8,32	187768,3
LOC105650127	XP_020541033.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	860	8,08	97288,3
LOC105650127	XP_020541034.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	833	8,02	94094,0
LOC105650127	XP_020541035.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	705	8,47	79977,6
LOC105650127	XP_020541036.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	680	8,51	77280,9
LOC105650127	XP_020541037.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	680	8,51	77280,9
LOC105650127	XP_020541038.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	680	8,51	77280,9
LOC110011043	XP_020541039.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	854	7,54	94467,6
LOC110011043	XP_020541040.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	831	7,90	91643,6
LOC110011043	XP_020541041.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	701	8,28	77199,7

LOC110011043	XP_020541042.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	678	8,61	74375,8
LOC105649424	XP_020541043.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	827	6,04	89291,7
LOC105649424	XP_020541044.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	825	6,15	89089,6
LOC105650126	XP_020541046.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1565	8,74	174020,4
LOC105650106	XP_020541164.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	626	8,59	68152,6
LOC119369645	XP_037492209.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	601	7,87	68257,1
LOC105647072	XP_037492215.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	732	8,29	83054,7
LOC105647145	XP_037492970.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1066	6,16	116589,5
LOC105647143	XP_037493061.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	935	7,98	101682,3
LOC105647143	XP_037493062.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	766	8,50	85750,3
LOC105640597	XP_037493310.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	552	8,36	61951,6
LOC105640597	XP_037493311.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	417	7,66	43144,1
LOC105640597	XP_037493313.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	408	7,99	41910,9
LOC105633218	XP_037493480.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	217	5,61	23786,8
LOC119370109	XP_037493483.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	262	6,73	29495,3
LOC105633227	XP_037493484.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	823	8,86	91894,3
LOC105633221	XP_037493487.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	837	8,07	94548,5
LOC110008720	XP_037493490.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1451	8,00	163607,7
LOC119369089	XP_037493498.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	835	6,81	91893,0
LOC105629380	XP_037493631.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	925	7,83	103864,2
LOC105633230	XP_037493632.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	815	7,03	91815,8
LOC110008633	XP_037493633.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	813	6,41	87832,1
LOC110008633	XP_037493634.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	646	7,61	72780,0
LOC105649722	XP_037493922.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1004	6,96	111911,7
LOC105649722	XP_037493923.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1004	6,96	111911,7
LOC105649722	XP_037493924.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1003	6,78	111755,5
LOC105649722	XP_037493925.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1003	6,78	111755,5
LOC105639524	XP_037493946.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	997	6,99	111965,7
LOC105639523	XP_037493947.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	751	6,61	84502,5
LOC105639523	XP_037493948.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	750	6,61	84403,3
LOC105639523	XP_037493949.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	697	5,76	78563,9
LOC105643394	XP_037493984.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	580	8,32	64266,9
LOC119370413	XP_037494457.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1003	6,50	108284,9
LOC119370413	XP_037494459.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1003	6,50	108284,9
LOC105643733	XP_037494855.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	851	8,58	94431,4
LOC105643733	XP_037494856.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	847	8,72	93860,8

LOC105643733	XP_037494857.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	841	8,72	93213,1
LOC105643733	XP_037494858.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	701	8,99	78033,8
LOC105650612	XP_037495728.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	844	8,90	89629,7
LOC105650612	XP_037495729.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	767	9,19	81219,5
LOC105650612	XP_037495730.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	755	9,26	79873,2
LOC105646353	XP_037495814.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	1017	6,96	108964,8
LOC110008619	XP_037495877.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	853	5,39	91202,9
LOC105636616	XP_037495881.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	998	5,04	107853,9
LOC105636616	XP_037495882.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	997	5,00	107697,7
LOC105636616	XP_037495883.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	955	5,30	106469,3
LOC105638625	XP_037495905.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	543	8,45	61816,7
LOC119369120	XP_037496540.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	670	7,74	72050,2
LOC119371095	XP_037496541.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	662	5,08	70096,8
LOC105650106	XP_037496543.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	598	8,56	65176,4
LOC105649399	XP_037496544.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	553	6,44	61498,3
LOC105650113	XP_037496545.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	500	7,41	53283,1
LOC110011069	XP_037496548.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	684	8,00	75681,7
LOC105650109	XP_037496549.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	661	5,89	71030,9
LOC119371172	XP_037496735.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	284	8,85	30978,1
LOC105649424	XP_037497575.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	851	5,94	91874,3
LOC105649424	XP_037497576.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	850	5,94	91803,2
LOC105649424	XP_037497577.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	824	6,15	89018,5
LOC105650126	XP_037497578.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	841	8,40	91955,7
LOC105650126	XP_037497579.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	834	8,33	91158,9
LOC105650126	XP_037497580.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	834	8,47	91203,0
LOC105649420	XP_037497581.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	838	7,85	92328,4
LOC105649420	XP_037497582.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	838	7,85	92328,4
LOC119369126	XP_037497583.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	836	5,87	90211,1
LOC105649430	XP_037497595.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	856	5,69	93793,3
LOC105649430	XP_037497596.1	RLK-Pelle_DLSV	PlasmaMembrane	834	5,58	91594,1
LOC105631457	XP_012068977.1	RLK-Pelle_Extensin	PlasmaMembrane	854	8,59	90933,6
LOC105631457	XP_012068979.1	RLK-Pelle_Extensin	PlasmaMembrane	851	8,59	90704,4
LOC105644452	XP_012085194.1	RLK-Pelle_Extensin	PlasmaMembrane	783	7,60	83203,8
LOC105644452	XP_012085195.1	RLK-Pelle_Extensin	PlasmaMembrane	779	7,60	82760,4
LOC105644452	XP_012085196.1	RLK-Pelle_Extensin	PlasmaMembrane	692	6,40	73430,6
LOC105647575	XP_012089099.1	RLK-Pelle_Extensin	PlasmaMembrane	431	9,25	40014,2

LOC105631457	XP_020533851.1	RLK-Pelle_Extensin	PlasmaMembrane	755	7,64	80031,7
LOC105647575	XP_037491622.1	RLK-Pelle_Extensin	PlasmaMembrane	440	9,36	41094,2
LOC105642633	XP_037496207.1	RLK-Pelle_Extensin	PlasmaMembrane	735	7,34	75590,3
LOC105631457	XP_037497723.1	RLK-Pelle_Extensin	PlasmaMembrane	852	8,59	90775,4
LOC105629199	XP_012066132.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	645	5,93	69688,6
LOC105631027	XP_012068412.3	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	604	7,50	67925,2
LOC105632375	XP_012070135.2	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	670	6,11	74616,8
LOC105633078	XP_012070993.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	663	5,49	70978,6
LOC105634420	XP_012072670.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	678	5,74	73421,5
LOC105636055	XP_012074616.2	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	723	6,19	75980,9
LOC105636057	XP_012074618.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	671	6,69	75417,9
LOC105636331	XP_012074981.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	669	7,06	72520,1
LOC105636334	XP_012074984.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	696	5,21	74345,1
LOC105636380	XP_012075029.2	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	657	8,27	73374,0
LOC105640314	XP_012079986.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	655	4,63	69640,7
LOC105641041	XP_012080880.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	955	7,63	103982,4
LOC105642196	XP_012082318.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	705	5,69	73451,0
LOC105647354	XP_012088795.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	688	5,70	73716,3
LOC105648145	XP_012089836.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	674	6,14	72562,9
LOC105649548	XP_012091610.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	715	6,20	76905,1
LOC105634420	XP_020535054.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	616	6,73	66837,2
LOC105636056	XP_020535704.2	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	713	6,39	74610,7
LOC105636058	XP_020535713.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	669	9,21	72267,3
LOC105641041	XP_020537730.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	969	7,92	105744,4
LOC105641041	XP_020537731.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	946	8,14	103242,8
LOC105641041	XP_020537732.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	943	7,92	102776,4
LOC119369225	XP_037491242.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	152	-	-
LOC105641041	XP_037492111.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	920	8,14	100274,9
LOC105640006	XP_037492255.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	650	7,36	68608,8
LOC105634526	XP_037492576.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	512	5,81	57971,9
LOC119369865	XP_037492696.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	693	7,74	77924,3
LOC105629974	XP_037492697.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	676	7,31	75192,9
LOC105629974	XP_037492698.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	674	7,29	74968,8
LOC110008645	XP_037492723.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	426	8,15	45196,4
LOC105629977	XP_037492744.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	669	7,41	71684,0
LOC105646329	XP_037493337.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	699	5,51	74016,7

LOC105646324	XP_037493339.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	242	5,88	26989,5
LOC105646527	XP_037496747.1	RLK-Pelle_L-LEC	PlasmaMembrane	653	6,74	69963,1
LOC105629244	XP_012066187.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	617	6,70	67307,5
LOC105629247	XP_012066192.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	662	7,16	72059,6
LOC105629248	XP_012066193.2	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	608	5,77	69197,9
LOC105629248	XP_012066194.2	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	599	5,57	68223,8
LOC105636916	XP_012075707.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	630	5,47	67797,3
LOC105642087	XP_012082165.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	655	6,18	70317,0
LOC105648342	XP_012090087.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	595	7,13	65757,1
LOC105648350	XP_012090098.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	653	7,16	74010,8
LOC105648350	XP_012090099.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	640	6,93	72389,0
LOC105636982	XP_020536038.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	655	6,82	73399,8
LOC105629398	XP_037491503.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	518	7,84	56773,2
LOC105636728	XP_037491666.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	656	5,89	71416,2
LOC105636721	XP_037492092.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	639	5,79	69308,9
LOC105636721	XP_037492093.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	630	7,09	67773,1
LOC105636721	XP_037492094.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	635	5,99	68874,6
LOC105638804	XP_037494751.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	504	7,76	55082,8
LOC105638763	XP_037494753.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	459	6,97	50231,9
LOC105638810	XP_037494845.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	299	7,10	33567,5
LOC105643237	XP_037495838.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	779	5,16	87526,0
LOC105643237	XP_037495839.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	763	5,11	85877,3
LOC105628180	XP_037496912.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	354	5,48	40335,1
LOC119371416	XP_037497391.1	RLK-Pelle_LRK10L-2	PlasmaMembrane	243	8,34	27519,5
LOC105642166	XP_012082271.1	RLK-Pelle_LRR-I-1	PlasmaMembrane	926	5,22	99339,4
LOC105644393	XP_012085105.1	RLK-Pelle_LRR-I-1	PlasmaMembrane	903	5,61	97406,8
LOC105644731	XP_012085570.1	RLK-Pelle_LRR-I-1	PlasmaMembrane	958	7,50	105164,4
LOC105644731	XP_012085571.1	RLK-Pelle_LRR-I-1	PlasmaMembrane	933	7,52	102297,3
LOC105644731	XP_012085572.1	RLK-Pelle_LRR-I-1	PlasmaMembrane	882	8,20	98954,2
LOC110008606	XP_020534031.2	RLK-Pelle_LRR-I-1	PlasmaMembrane	1333	8,11	149110,4
LOC105640004	XP_020537185.1	RLK-Pelle_LRR-I-1	PlasmaMembrane	934	6,28	100920,2
LOC105631518	XP_037495445.1	RLK-Pelle_LRR-I-1	PlasmaMembrane	928	5,97	99555,3
LOC105646778	XP_012088101.1	RLK-Pelle_LRR-I-2	PlasmaMembrane	419	8,15	46874,1
LOC105646778	XP_020540047.1	RLK-Pelle_LRR-I-2	PlasmaMembrane	419	8,15	46874,1
LOC105631934	XP_012069554.1	RLK-Pelle_LRR-II	PlasmaMembrane	715	5,74	72591,2
LOC105640356	XP_012080070.1	RLK-Pelle_LRR-II	PlasmaMembrane	611	5,52	64986,9

LOC105646793	XP_012088120.1	RLK-Pelle_LRR-II	PlasmaMembrane	624	6,81	66110,8
LOC105649688	XP_012091804.1	RLK-Pelle_LRR-II	PlasmaMembrane	609	6,51	65286,1
LOC105649688	XP_012091805.1	RLK-Pelle_LRR-II	PlasmaMembrane	609	6,51	65286,1
LOC105649688	XP_020541006.1	RLK-Pelle_LRR-II	PlasmaMembrane	513	7,58	54575,5
LOC105640356	XP_037494731.1	RLK-Pelle_LRR-II	PlasmaMembrane	588	5,71	65146,2
LOC105629318	XP_012066279.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	1010	6,23	108099,2
LOC105630920	XP_012068302.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	657	6,37	69943,5
LOC105631670	XP_012069235.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	702	6,96	73360,7
LOC105633286	XP_012071247.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	484	4,83	51830,6
LOC105634309	XP_012072534.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	350	8,52	39289,7
LOC105634738	XP_012073038.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	654	6,98	68618,9
LOC105636524	XP_012075199.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	1063	6,54	113909,8
LOC105636846	XP_012075610.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	1061	6,07	113250,9
LOC105637000	XP_012075793.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	776	6,69	84552,5
LOC105638143	XP_012077281.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	657	8,67	70224,0
LOC105638309	XP_012077494.2	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	639	6,97	68052,3
LOC105638647	XP_012077868.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	634	8,82	67189,7
LOC105638647	XP_012077878.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	634	8,82	67189,7
LOC105638647	XP_012077889.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	634	8,82	67189,7
LOC105639294	XP_012078693.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	652	8,01	68196,4
LOC105639755	XP_012079291.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	662	7,55	70239,5
LOC105639769	XP_012079309.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	765	6,79	80872,6
LOC105640414	XP_012080105.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	625	5,98	66556,5
LOC105645425	XP_012086419.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	647	6,13	67440,8
LOC105645711	XP_012086772.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	627	6,35	66878,7
LOC105648089	XP_012089771.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	822	8,30	85773,9
LOC105649082	XP_012091018.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	657	8,26	69286,2
LOC105649082	XP_012091019.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	657	8,26	69286,2
LOC105649154	XP_012091110.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	632	6,38	65808,0
LOC105649154	XP_012091111.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	632	6,38	65808,0
LOC105629318	XP_020533125.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	828	6,33	88229,8
LOC105638647	XP_020536838.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	634	8,82	67189,7
LOC105643037	XP_020538338.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	618	5,36	66149,8
LOC105649154	XP_020540942.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	651	7,23	70997,7
LOC105649154	XP_020540943.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	651	7,23	70997,7
LOC105638647	XP_037497235.1	RLK-Pelle_LRR-III	PlasmaMembrane	634	8,82	67189,7

LOC105645957	XP_012087100.1	RLK-Pelle_LRR-IV	PlasmaMembrane	682	7,35	71705,0
LOC105648583	XP_012090406.1	RLK-Pelle_LRR-IV	PlasmaMembrane	679	7,62	74367,8
LOC105634159	XP_012072359.1	RLK-Pelle_LRR-IX	PlasmaMembrane	942	5,61	98732,6
LOC105635815	XP_012074324.1	RLK-Pelle_LRR-IX	PlasmaMembrane	967	5,50	102104,2
LOC105644947	XP_012085845.1	RLK-Pelle_LRR-IX	PlasmaMembrane	882	7,30	95467,7
LOC105645453	XP_012086448.1	RLK-Pelle_LRR-IX	PlasmaMembrane	951	5,79	100026,4
LOC105647945	XP_012089559.1	RLK-Pelle_LRR-IX	PlasmaMembrane	957	6,23	101630,4
LOC105646544	XP_012087800.1	RLK-Pelle_LRR-V	PlasmaMembrane	715	5,78	75878,9
LOC105649294	XP_012091293.1	RLK-Pelle_LRR-V	PlasmaMembrane	721	5,93	74137,5
LOC105649294	XP_012091294.1	RLK-Pelle_LRR-V	PlasmaMembrane	713	5,79	73245,6
LOC105649489	XP_012091538.1	RLK-Pelle_LRR-V	PlasmaMembrane	727	6,33	77263,9
LOC105649489	XP_012091539.1	RLK-Pelle_LRR-V	PlasmaMembrane	703	6,43	74749,5
LOC105646544	XP_020539954.1	RLK-Pelle_LRR-V	PlasmaMembrane	700	5,71	74250,1
LOC105649489	XP_037497594.1	RLK-Pelle_LRR-V	PlasmaMembrane	727	6,33	77263,9
LOC105632588	XP_012070400.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	789	8,13	83817,9
LOC105632588	XP_012070401.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	789	8,13	83817,9
LOC105632735	XP_012070562.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	801	6,84	84595,6
LOC105632856	XP_012070706.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	770	6,49	84826,7
LOC105632856	XP_012070714.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	770	6,49	84826,7
LOC105640219	XP_012079866.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	762	6,49	81814,5
LOC105640219	XP_012079867.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	762	6,49	81814,5
LOC105649763	XP_012091924.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	742	9,27	78569,1
LOC105632588	XP_020534355.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	789	8,13	83817,9
LOC105649763	XP_020541113.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	743	9,27	78640,2
LOC105649763	XP_020541114.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	738	9,27	78042,7
LOC105649763	XP_020541115.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	737	9,27	77971,6
LOC105632588	XP_037491433.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	789	8,13	83817,9
LOC105632588	XP_037491434.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	789	8,13	83817,9
LOC105632735	XP_037495667.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	722	7,33	75891,8
LOC105640219	XP_037496532.1	RLK-Pelle_LRR-VI-1	PlasmaMembrane	781	6,49	81814,5
LOC105645836	XP_012086941.1	RLK-Pelle_LRR-VI-2	PlasmaMembrane	688	5,87	73835,5
LOC105645836	XP_012086942.1	RLK-Pelle_LRR-VI-2	PlasmaMembrane	661	5,65	70956,4
LOC105649676	XP_012091787.1	RLK-Pelle_LRR-VI-2	PlasmaMembrane	698	5,32	74799,7
LOC105634348	XP_012072583.1	RLK-Pelle_LRR-VII-1	PlasmaMembrane	1001	5,79	107534,4
LOC105645929	XP_012087063.1	RLK-Pelle_LRR-VII-1	PlasmaMembrane	884	5,00	93203,1
LOC105649103	XP_020540903.1	RLK-Pelle_LRR-VII-1	PlasmaMembrane	973	5,38	102451,7

LOC105633507	XP_012071498.1	RLK-Pelle_LRR-VII-2	PlasmaMembrane	854	5,91	94365,5
LOC105633884	XP_012071977.1	RLK-Pelle_LRR-VII-3	PlasmaMembrane	1135	7,45	122957,3
LOC105638632	XP_012077849.1	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	PlasmaMembrane	968	5,53	102546,2
LOC105649076	XP_012091010.1	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	PlasmaMembrane	1009	6,49	104150,9
LOC105649076	XP_012091011.1	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	PlasmaMembrane	966	6,49	104150,9
LOC105639413	XP_037496990.1	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	PlasmaMembrane	833	7,69	88368,5
LOC105642349	XP_012082558.1	RLK-Pelle_LRR-Xa	PlasmaMembrane	598	5,72	63090,0
LOC105649813	XP_012091998.1	RLK-Pelle_LRR-Xa	PlasmaMembrane	601	5,68	63788,0
LOC105638622	XP_037495903.1	RLK-Pelle_LRR-Xa	PlasmaMembrane	496	8,08	53006,5
LOC105638626	XP_037495906.1	RLK-Pelle_LRR-Xa	PlasmaMembrane	516	9,07	57770,4
LOC105638623	XP_037495910.1	RLK-Pelle_LRR-Xa	PlasmaMembrane	593	8,40	64275,8
LOC105638623	XP_037495911.1	RLK-Pelle_LRR-Xa	PlasmaMembrane	593	8,40	64275,8
LOC105638617	XP_037495920.1	RLK-Pelle_LRR-Xa	PlasmaMembrane	616	5,63	67191,3
LOC105631297	XP_012068764.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1086	5,90	113509,7
LOC105636620	XP_012075333.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	376	5,39	38987,9
LOC105637629	XP_012076552.2	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1045	6,98	111657,3
LOC105641848	XP_012081858.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1205	5,81	127825,9
LOC105648494	XP_012090287.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1272	5,40	135993,6
LOC110011048	XP_020541063.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	333	7,99	32810,8
LOC105645846	XP_037493569.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1083	5,17	113997,3
LOC119371100	XP_037496577.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1228	6,06	131547,5
LOC105640580	XP_012080323.1	RLK-Pelle_LRR-Xb-2	PlasmaMembrane	1103	7,37	118265,8
LOC105629144	XP_012066065.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1083	5,89	116957,2
LOC105630049	XP_012067127.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	983	5,49	105178,8
LOC105630604	XP_012067859.2	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1037	5,41	110722,6
LOC105630604	XP_012067861.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1044	4,98	111561,7
LOC105630604	XP_012067862.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1036	4,98	110753,0
LOC105630977	XP_012068364.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1043	5,89	115469,4
LOC105632926	XP_012070784.2	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	981	5,70	105067,3
LOC105633464	XP_012071442.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	956	8,39	102225,4
LOC105634727	XP_012073020.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	889	6,25	93180,4
LOC105635320	XP_012073772.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	977	6,12	104938,1
LOC105635991	XP_012074538.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1036	5,68	105957,0
LOC105638229	XP_012077398.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1026	6,27	110623,7
LOC105638470	XP_012077671.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1153	4,76	120046,6
LOC105638476	XP_012077675.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1103	5,22	118204,1

LOC105638491	XP_012077690.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1021	5,53	109474,8
LOC105639133	XP_012078477.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1106	5,60	116367,4
LOC105644430	XP_012085166.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1140	4,79	120241,8
LOC105644470	XP_012085218.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1018	6,24	108316,6
LOC105644495	XP_012085259.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1224	4,89	131271,6
LOC105645128	XP_012086037.2	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1079	5,72	114919,0
LOC105645221	XP_012086152.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	888	5,97	94241,1
LOC105645772	XP_012086888.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1125	5,71	122495,2
LOC105646884	XP_012088210.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	987	6,32	107384,3
LOC105647766	XP_012089379.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1016	5,92	111597,8
LOC105648625	XP_012090461.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1025	6,65	113353,8
LOC105638490	XP_020536689.2	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	744	6,07	82337,4
LOC110008682	XP_020536695.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	302	8,30	33375,1
LOC105639224	XP_020537010.2	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	866	8,88	96229,0
LOC105638486	XP_037491308.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1126	8,16	118224,5
LOC105640339	XP_037493098.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1113	5,73	118620,7
LOC105640339	XP_037493099.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1113	5,73	118620,7
LOC105630773	XP_037493523.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	956	7,40	103336,7
LOC105630773	XP_037493524.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	956	7,40	103336,7
LOC105629663	XP_037493744.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	876	9,94	96416,7
LOC105637282	XP_037496027.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1146	7,24	123315,1
LOC105633265	XP_037497155.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	979	5,57	104300,2
LOC105644495	XP_037497799.1	RLK-Pelle_LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1148	4,95	125835,4
LOC105630394	XP_012067584.2	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1001	6,92	107107,9
LOC105633614	XP_012071632.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	984	7,41	105518,8
LOC105633968	XP_012072076.2	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1165	6,63	124262,8
LOC105637387	XP_012076225.2	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1023	5,57	111752,2
LOC105646614	XP_012087887.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1048	5,90	111521,2
LOC105648881	XP_012090772.2	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1022	6,56	112788,4
LOC105649111	XP_012091060.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1063	8,91	116438,9
LOC105649422	XP_012091450.2	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1016	7,28	107658,2
LOC105633209	XP_020534559.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	609	5,73	68177,6
LOC105635050	XP_020535228.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1038	6,94	112169,3
LOC105638407	XP_020536681.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1022	8,31	110249,3
LOC105640130	XP_020537367.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	981	6,40	108616,4
LOC105647858	XP_020540233.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1033	7,03	112898,6

LOC105647858	XP_020540234.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	980	7,38	107244,9
LOC105649054	XP_020540421.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1014	6,06	107126,3
LOC105648881	XP_020540852.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	904	7,27	99284,7
LOC105649422	XP_020540926.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	853	6,86	89849,7
LOC105650935	XP_037491703.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	894	6,39	97643,4
LOC105637001	XP_037491775.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	894	7,27	98993,3
LOC105633572	XP_037492628.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	967	5,43	102865,7
LOC105630059	XP_037493393.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	742	8,00	83414,0
LOC105648914	XP_037494053.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	270	5,35	29976,6
LOC105649045	XP_037494129.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1024	7,13	108951,6
LOC105644760	XP_037494577.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	939	8,43	103007,0
LOC110008697	XP_037494616.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1054	9,01	111250,4
LOC105645117	XP_037494651.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	947	8,09	102573,2
LOC105645417	XP_037494656.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1020	7,91	109715,0
LOC105649413	XP_037494664.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	373	8,17	38767,8
LOC105649091	XP_037494676.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	877	7,86	91313,7
LOC105649084	XP_037494678.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	840	8,39	87348,7
LOC105649392	XP_037494682.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	808	6,29	88971,0
LOC105630394	XP_037494964.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	868	7,81	92403,3
LOC105646731	XP_037496247.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	937	7,54	103720,7
LOC110008685	XP_037497415.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	777	8,62	83274,7
LOC105633415	XP_037497416.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1014	6,14	108417,2
LOC105633415	XP_037497417.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	973	6,25	103829,5
LOC105633419	XP_037497418.1	RLK-Pelle_LRR-XII-1	PlasmaMembrane	867	6,84	94058,2
LOC105632440	XP_012070211.1	RLK-Pelle_LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	353	6,65	39591,6
LOC105632440	XP_012070212.1	RLK-Pelle_LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	353	6,65	39591,6
LOC105632653	XP_012070482.1	RLK-Pelle_LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	596	5,16	62171,0
LOC105640486	XP_012080199.1	RLK-Pelle_LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	602	5,88	63840,1
LOC105632440	XP_020534321.1	RLK-Pelle_LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	289	8,56	32279,3
LOC105632653	XP_020534328.1	RLK-Pelle_LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	596	5,16	62171,0
LOC105632440	XP_037495063.1	RLK-Pelle_LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	342	8,95	38037,3
LOC105638078	XP_012077188.1	RLK-Pelle_LRR-XIIIb	PlasmaMembrane	986	5,96	105842,6
LOC105648565	XP_012090380.1	RLK-Pelle_LRR-XIIIb	PlasmaMembrane	992	5,80	105734,5
LOC105632324	XP_012070070.1	RLK-Pelle_LRR-XIV	PlasmaMembrane	902	7,71	95289,8
LOC105633796	XP_012071855.1	RLK-Pelle_LRR-XIV	PlasmaMembrane	901	7,10	96396,6
LOC105630551	XP_012067787.1	RLK-Pelle_LRR-XV	PlasmaMembrane	1077	8,87	115485,0

LOC105644164	XP_012084828.1	RLK-Pelle_LRR-XV	PlasmaMembrane	1158	6,38	120204,6
LOC105642734	XP_037496185.1	RLK-Pelle_LRR-XV	PlasmaMembrane	1127	5,78	117655,5
LOC105642734	XP_037496186.1	RLK-Pelle_LRR-XV	PlasmaMembrane	1127	5,78	117655,5
LOC105642734	XP_037496187.1	RLK-Pelle_LRR-XV	PlasmaMembrane	1127	5,78	117655,5
LOC105642734	XP_037496188.1	RLK-Pelle_LRR-XV	PlasmaMembrane	1127	5,78	117655,5
LOC105628068	XP_012064778.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	580	6,77	63083,5
LOC105631537	XP_012069077.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	660	6,05	70357,6
LOC105632077	XP_012069750.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	618	5,19	66587,9
LOC105632780	XP_012070617.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	672	6,09	71399,9
LOC105633737	XP_012071767.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	642	8,23	68800,5
LOC105637651	XP_012076591.2	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	606	6,87	64543,8
LOC105639607	XP_012079103.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	649	5,28	68760,8
LOC105639956	XP_012079552.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	602	5,92	62161,0
LOC105640837	XP_012080618.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	619	5,06	65346,6
LOC105650850	XP_020532385.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	586	6,81	63144,2
LOC105639956	XP_020537273.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	631	5,97	65540,5
LOC105640735	XP_020537463.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	598	5,73	63916,5
LOC105640837	XP_020537663.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	624	4,72	65981,0
LOC105640837	XP_020537664.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	621	4,68	65654,6
LOC105640837	XP_020537666.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	616	4,99	65020,3
LOC105649299	XP_020540978.1	RLK-Pelle_LysM	PlasmaMembrane	615	6,02	65607,6
LOC105638389	XP_012077569.2	RLK-Pelle_PERK-1	PlasmaMembrane	631	6,65	67587,0
LOC105647956	XP_037496808.1	RLK-Pelle_PERK-1	PlasmaMembrane	914	6,94	98373,1
LOC105638956	XP_012078262.1	RLK-Pelle_RKF3	PlasmaMembrane	616	8,07	65268,6
LOC105647837	XP_012089454.1	RLK-Pelle_RKF3	PlasmaMembrane	637	6,45	68172,4
LOC105650054	XP_012092322.1	RLK-Pelle_RKF3	PlasmaMembrane	642	8,23	68241,5
LOC105633352	XP_037497419.1	RLK-Pelle_RKF3	PlasmaMembrane	658	5,81	69981,1
LOC105641276	XP_037497756.1	RLK-Pelle_RLCK-IV	PlasmaMembrane	312	6,76	29406,6
LOC105631808	XP_012069380.1	RLK-Pelle_RLCK-IXa	PlasmaMembrane	382	5,35	38923,3
LOC105631808	XP_012069382.1	RLK-Pelle_RLCK-IXa	PlasmaMembrane	367	5,64	37346,8
LOC105631808	XP_012069383.1	RLK-Pelle_RLCK-IXa	PlasmaMembrane	363	5,34	36897,4
LOC105631808	XP_020534149.1	RLK-Pelle_RLCK-IXa	PlasmaMembrane	380	5,49	38707,1
LOC105636486	XP_012075153.3	RLK-Pelle_RLCK-Os	PlasmaMembrane	379	7,14	43120,5
LOC105648834	XP_020540816.1	RLK-Pelle_RLCK-V	PlasmaMembrane	477	7,64	48801,7
LOC105648834	XP_020540817.1	RLK-Pelle_RLCK-V	PlasmaMembrane	443	7,67	44942,7
LOC105629185	XP_012066119.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	PlasmaMembrane	345	9,02	39559,6

LOC105629185	XP_020533044.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	PlasmaMembrane	256	8,58	29455,5
LOC105629185	XP_020533045.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	PlasmaMembrane	255	7,38	28785,1
LOC105648487	XP_037491045.1	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	PlasmaMembrane	304	8,38	34304,7
LOC105637583	XP_037493522.1	RLK-Pelle_RLCK-X	PlasmaMembrane	450	6,90	47674,5
LOC105645567	XP_012086585.1	RLK-Pelle_RLCK-XIII	PlasmaMembrane	363	6,23	40816,7
LOC105630028	XP_012067096.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	806	6,08	86252,2
LOC105630901	XP_012068279.2	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	855	5,80	95686,4
LOC105630902	XP_012068280.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	802	7,30	87327,5
LOC105630902	XP_012068281.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	716	7,70	80854,1
LOC105630902	XP_012068282.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	716	7,70	80854,1
LOC105630902	XP_012068283.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	716	7,70	80854,1
LOC105630903	XP_012068284.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	826	5,73	90201,0
LOC105634156	XP_012072356.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	794	7,83	86925,6
LOC105634857	XP_012073179.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	814	5,87	88210,8
LOC105636206	XP_012074802.2	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	805	6,16	87834,9
LOC105637634	XP_012076558.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	815	5,82	87208,8
LOC105638903	XP_012078186.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	900	6,59	99040,0
LOC105638903	XP_012078187.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	887	6,75	97598,6
LOC105639319	XP_012078722.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	450	9,20	50752,7
LOC105640086	XP_012079697.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	793	6,89	87971,6
LOC105640985	XP_012080809.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	838	6,22	89051,0
LOC105642959	XP_012083353.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	887	5,70	94818,9
LOC105644949	XP_012085847.2	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	824	6,46	93408,3
LOC105645193	XP_012086115.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	750	7,47	80240,8
LOC105646235	XP_012087443.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	812	4,98	88955,5
LOC105647047	XP_012088417.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	852	5,44	90559,0
LOC105649712	XP_012091837.2	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	835	5,29	91743,0
LOC105650156	XP_012092428.2	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	756	8,27	84408,7
LOC105650167	XP_012092438.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	823	6,35	88093,5
LOC105650343	XP_012092618.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	785	5,63	88458,7
LOC105630902	XP_020533672.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	716	7,70	80854,1
LOC105631019	XP_020533690.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	788	7,91	87502,5
LOC105637634	XP_020536525.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	815	5,82	87208,8
LOC105637634	XP_020536526.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	791	5,82	87411,0
LOC105641600	XP_020537958.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	844	5,12	94759,2
LOC105646236	XP_020539805.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	807	5,53	88026,3

LOC105631016	XP_037493814.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	649	6,38	70740,6
LOC105632318	XP_037494144.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	788	5,33	85630,6
LOC105632318	XP_037494145.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	742	5,00	80743,1
LOC105648389	XP_037495337.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	853	5,43	92029,1
LOC105634156	XP_037495702.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	794	7,83	86925,6
LOC105646234	XP_037495944.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	810	5,03	87784,5
LOC105632420	XP_037496927.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	649	6,16	72166,3
LOC105644483	XP_037497776.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	820	8,01	90394,3
LOC105644483	XP_037497777.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	779	8,26	85696,5
LOC105645151	XP_037497953.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	777	5,80	84144,3
LOC105645155	XP_037497963.1	RLK-Pelle_SD-2b	PlasmaMembrane	785	5,40	87396,7
LOC105638212	XP_012077378.1	RLK-Pelle_Singleton	PlasmaMembrane	965	7,44	104115,3
LOC105639495	XP_012078959.1	RLK-Pelle_URK-1	PlasmaMembrane	678	6,65	74937,6
LOC105639495	XP_020537146.1	RLK-Pelle_URK-1	PlasmaMembrane	674	6,65	74552,2
LOC105644962	XP_012085859.1	RLK-Pelle_URK-2	PlasmaMembrane	578	7,37	64913,2
LOC105642994	XP_020537993.2	RLK-Pelle_URK-2	PlasmaMembrane	602	7,66	61669,9
LOC105643325	XP_012083814.1	RLK-Pelle_URK-3	PlasmaMembrane	635	5,81	66906,5
LOC105630277	XP_012067451.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	735	5,41	79491,9
LOC105630389	XP_012067580.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	696	6,49	78589,8
LOC105630982	XP_012068370.3	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	712	6,88	77373,8
LOC105639055	XP_012078380.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	701	5,66	75459,6
LOC105645010	XP_012085903.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	661	5,52	70640,8
LOC105645011	XP_012085904.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	671	6,63	72540,3
LOC105639053	XP_020536863.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	684	5,78	72881,1
LOC105629351	XP_037491508.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	732	5,93	79112,9
LOC105630653	XP_037496153.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	731	6,16	79678,9
LOC105629420	XP_037496613.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	635	5,55	68103,5
LOC105629429	XP_037496617.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	517	9,15	53471,0
LOC105629428	XP_037496618.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	590	6,11	63793,7
LOC119371127	XP_037496633.1	RLK-Pelle_WAK	PlasmaMembrane	749	4,99	81561,6
LOC105633913	XP_012072003.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	681	6,14	72382,9
LOC105636934	XP_012075734.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	679	5,37	72824,4
LOC105636934	XP_012075735.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	647	5,99	70700,4
LOC105639627	XP_012079130.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	698	7,02	74562,2
LOC105642064	XP_012082146.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	663	8,00	73317,0
LOC105646716	XP_012088027.2	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	634	8,46	70313,1

LOC105639627	XP_020537278.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	698	7,02	74562,2
LOC105646717	XP_020539980.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	649	7,93	69237,3
LOC105647215	XP_020540202.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	664	5,43	72693,2
LOC105649795	XP_037492037.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	645	6,57	67944,7
LOC105650703	XP_037492089.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	667	5,23	72041,6
LOC105650703	XP_037492090.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	653	5,74	70007,4
LOC105650703	XP_037492091.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	563	5,20	63106,6
LOC105650731	XP_037492096.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	462	6,29	47743,9
LOC105642089	XP_037494612.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	447	5,78	48657,1
LOC105642064	XP_037497366.1	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	PlasmaMembrane	655	7,89	72393,9
LOC105636498	XP_012075169.1	STE_STE11	PlasmaMembrane	538	6,16	56162,0
LOC105636498	XP_012075170.1	STE_STE11	PlasmaMembrane	538	6,16	56162,0
LOC105629283	XP_012066235.1	STE_STE7	PlasmaMembrane	518	5,46	57419,5
LOC105644980	XP_012085875.1	STE_STE7	PlasmaMembrane	327	5,77	36714,3
LOC105629283	XP_020533156.1	STE_STE7	PlasmaMembrane	560	5,62	62405,1
LOC105629283	XP_020533157.1	STE_STE7	PlasmaMembrane	560	5,62	62405,1
LOC105649021	XP_012090929.1	ULK_Fused	PlasmaMembrane	1349	7,79	147036,2
LOC105649021	XP_012090930.1	ULK_Fused	PlasmaMembrane	1349	7,79	147036,2
LOC105649021	XP_020540904.1	ULK_Fused	PlasmaMembrane	1349	7,79	147036,2
LOC105649021	XP_037494911.1	ULK_Fused	PlasmaMembrane	1349	7,79	147036,2
LOC105646186	XP_037493496.1	RLK-Pelle_DLSV	#N/D	1051	4,88	112152,2
LOC105640131	XP_037493817.1	RLK-Pelle_SD-2b	#N/D	799	5,37	88031,3

APÊNDICE E - Recurso online 5. Expressão de transcritos de JcPKs diferencialmente expressos nas acessões Jc171 (257 DEGs: 17 UR e 240 DR) e Jc183 (20 DEGs: 12 UR e 8 DR). Os transcritos destacados em amarelo foram removidos porque estão em uma única biblioteca. Não significativo (n.s).

Proteína ID	RNA-seq ID	Loci ID	Família quinase	Log2FC Jc171	Regulação Jc171	Log2FC Jc183	Regulação Jc183
XP_012064770.1	XM_012209380.3	LOC105628062	RLK-Pelle_LysM	0,195995	n.s	-0,0246162	n.s
XP_012064924.1	XM_012209534.3	LOC105628170	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	-0,598119	n.s	-0,129962	n.s
XP_012064945.1	XM_012209555.3	LOC105628187	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-2,28217	DR	-0,293154	n.s
XP_012065026.1	XM_012209636.3	LOC105628253	RLK-Pelle_RLCK-IXb	-1,22462	DR	0,0494182	n.s
XP_012065276.2	XM_012209886.3	LOC105628476	RLK-Pelle_RLCK-XV	0,558406	n.s	-1,92892	n.s
XP_012065277.1	XM_012209887.3	LOC105628477	RLK-Pelle_RLCK-VI	-0,947796	n.s	0,101797	n.s
XP_012065288.1	XM_012209898.3	LOC105628484	CAMK_CAMKL-CHK1	-1,1009	DR	0,674043	n.s
XP_012065386.2	XM_012209996.3	LOC105628562	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-1,14986	DR	-0,137149	n.s
XP_012065407.1	XM_012210017.3	LOC105628573	CMGC_SRPK	-0,313048	n.s	-0,0923653	n.s
XP_012065416.1	XM_012210026.3	LOC105628580	IRE1	-1,95947	DR	-0,120899	n.s
XP_012065654.1	XM_012210264.3	LOC105628781	STE_STE11	-1,46483	DR	-0,0455133	n.s
XP_012065771.1	XM_012210381.3	LOC105628897	CAMK_CDPK	-1,44877	DR	-0,00938655	n.s
XP_012065919.1	XM_012210529.3	LOC105629011	CAMK_CDPK	-0,555549	n.s	0,493711	n.s
XP_012065964.2	XM_012210574.3	LOC105629059	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,74415	DR	0,0959802	n.s
XP_012066065.1	XM_012210675.3	LOC105629144	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,08932	DR	-0,750389	n.s
XP_012066102.1	XM_012210712.3	LOC105629174	STE_STE11	-inf	no	1,292	n.s
XP_012066187.1	XM_012210797.3	LOC105629244	RLK-Pelle_LRK10L-2	1,34112	n.s	0,693856	n.s
XP_012066192.1	XM_012210802.3	LOC105629247	RLK-Pelle_LRK10L-2	-1,96629	DR	-0,272356	n.s
XP_012066360.1	XM_012210970.3	LOC105629381	RLK-Pelle_URK-1	0,116343	n.s	-0,72697	n.s
XP_012066457.1	XM_012211067.2	LOC105629469	AGC_RSK-2	-1,88869	DR	-0,452331	n.s
XP_012066539.1	XM_012211149.3	LOC105629538	TKL-PI-5	-0,161308	n.s	0,661762	n.s
XP_012066579.1	XM_012211189.3	LOC105629578	STE_STE11	-0,224136	n.s	0,0022219	n.s
XP_012066638.1	XM_012211248.3	LOC105629634	RLK-Pelle_CR4L	-1,25842	DR	-0,69331	n.s
XP_012066706.1	XM_012211316.3	LOC105629688	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	-1,73335	DR	-0,325294	n.s
XP_012067096.1	XM_012211706.3	LOC105630028	RLK-Pelle_SD-2b	-2,42178	DR	-1,24024	n.s
XP_012067175.1	XM_012211785.3	LOC105630089	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,675446	n.s	0,524522	n.s

XP_012067214.1	XM_012211824.3	LOC105630122	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-inf	no	-inf	no
XP_012067451.1	XM_012212061.3	LOC105630277	RLK-Pelle_WAK	-2,11197	DR	-0,00249224	n.s
XP_012067489.1	XM_012212099.3	LOC105630306	RLK-Pelle_RLCK-XI	-3,55618	DR	-0,608319	n.s
XP_012067543.1	XM_012212153.3	LOC105630345	RLK-Pelle_RLCK-X	-0,701981	n.s	-0,436695	n.s
XP_012067584.2	XM_012212194.3	LOC105630394	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-1,02946	DR	-1,63989	n.s
XP_012067699.1	XM_012212309.3	LOC105630485	TKL-PI-5	-0,278711	n.s	-0,177774	n.s
XP_012067787.1	XM_012212397.3	LOC105630551	RLK-Pelle_LRR-XV	-1,35059	DR	0,0263486	n.s
XP_012067859.2	XM_012212469.3	LOC105630604	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-0,866726	n.s	1,89951	UR
XP_012067903.1	XM_012212513.2	LOC105630640	CAMK_OST1L	-0,713694	n.s	0,335621	n.s
XP_012067947.1	XM_012212557.3	LOC105630669	CAMK_CDPK	-1,14792	DR	0,138005	n.s
XP_012067958.1	XM_012212568.3	LOC105630677	RLK-Pelle_CR4L	-0,475725	n.s	0,116461	n.s
XP_012068112.1	XM_012212722.3	LOC105630772	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-0,406785	n.s	1,50363	UR
XP_012068248.1	XM_012212858.3	LOC105630870	CMGC_CK2	-0,664674	n.s	-0,263534	n.s
XP_012068279.2	XM_012212889.3	LOC105630901	RLK-Pelle_SD-2b	2,96198	UR	2,69541	n.s
XP_012068282.1	XM_012212892.3	LOC105630902	RLK-Pelle_SD-2b	0,2575	n.s	-0,931379	n.s
XP_012068284.1	XM_012212894.3	LOC105630903	RLK-Pelle_SD-2b	-1,87412	DR	-0,417812	n.s
XP_012068302.1	XM_012212912.3	LOC105630920	RLK-Pelle_LRR-III	-0,661581	n.s	-0,164188	n.s
XP_012068357.2	XM_012212967.2	LOC105630968	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	0,763776	n.s	0,718246	n.s
XP_012068359.2	XM_012212969.3	LOC105630970	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-1,99687	DR	-0,412914	n.s
XP_012068412.3	XM_012213022.3	LOC105631027	RLK-Pelle_L-LEC	-1,28073	n.s	0,590195	n.s
XP_012068442.1	XM_012213052.3	LOC105631059	TKL_CTR1-DRK-2	-2,68792	DR	-0,163773	n.s
XP_012068547.1	XM_012213157.2	LOC105631149	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	0,268899	n.s	-0,0629341	n.s
XP_012068764.1	XM_012213374.3	LOC105631297	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-1,76036	DR	-0,625556	n.s
XP_012068778.1	XM_012213388.3	LOC105631309	RLK-Pelle_LRR-V	-1,19031	DR	-0,588665	n.s
XP_012068874.2	XM_012213484.3	LOC105631671	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,927544	n.s	1,64954	n.s
XP_012068944.1	XM_012213554.3	LOC105631434	CK1_CK1	-0,912392	n.s	0,0924473	n.s
XP_012069077.1	XM_012213687.3	LOC105631537	RLK-Pelle_LysM	-2,14892	DR	-1,25597	DR
XP_012069392.1	XM_012214002.3	LOC105631816	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	-0,362967	n.s	0,106491	n.s
XP_012069554.1	XM_012214164.3	LOC105631934	RLK-Pelle_LRR-II	2,9427	n.s	2,92655	n.s
XP_012069743.1	XM_012214353.3	LOC105632073	CAMK_CAMKL-CHK1	-0,682603	n.s	-0,462221	n.s
XP_012069750.1	XM_012214360.3	LOC105632077	RLK-Pelle_LysM	-0,83238	n.s	0,716644	n.s

XP_012069828.2	XM_012214438.3	LOC105632131	CAMK_CDPK	0,5489	n.s	0,164737	n.s
XP_012069858.1	XM_012214468.3	LOC105632151	CK1_CK1	-1,64964	DR	-0,289509	n.s
XP_012069940.1	XM_012214550.3	LOC105632227	RLK-Pelle_RLCK-V	-0,638996	n.s	-0,597809	n.s
XP_012070070.1	XM_012214680.3	LOC105632324	RLK-Pelle_LRR-XIV	-1,5935	DR	-0,0258018	n.s
XP_012070135.2	XM_012214745.3	LOC105632375	RLK-Pelle_L-LEC	inf	no	inf	no
XP_012070280.1	XM_012214890.3	LOC105632499	CMGC_DYRK-YAK	-1,92604	DR	-0,214628	n.s
XP_012070457.1	XM_012215067.2	LOC105632633	CK1_CK1-PI	-1,78873	DR	-0,0679755	n.s
XP_012070539.1	XM_012215149.2	LOC105632709	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,229409	n.s	0,173683	n.s
XP_012070562.1	XM_012215172.3	LOC105632735	RLK-Pelle_LRR-VI-1	0,0305465	n.s	0,424379	n.s
XP_012070617.1	XM_012215227.3	LOC105632780	RLK-Pelle_LysM	-3,28271	DR	-1,38766	n.s
XP_012070636.1	XM_012215246.3	LOC105632799	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-1,18512	DR	-0,692723	n.s
XP_012070691.3	XM_012215301.3	LOC105632844	RLK-Pelle_DLSV	1,18934	UR	1,83027	n.s
XP_012070692.1	XM_012215302.3	LOC105632846	RLK-Pelle_DLSV	-0,758597	n.s	0,193003	n.s
XP_012070784.2	XM_012215394.3	LOC105632926	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,52521	DR	1,19779	n.s
XP_012070964.1	XM_012215574.3	LOC105633055	WNK_NRBP	-0,366551	n.s	-0,471221	n.s
XP_012070993.1	XM_012215603.3	LOC105633078	RLK-Pelle_L-LEC	-1,7709	DR	-0,197289	n.s
XP_012071146.1	XM_012215756.3	LOC105633180	RLK-Pelle_L-LEC	-1,32876	DR	0,00500381	n.s
XP_012071247.1	XM_012215857.3	LOC105633286	RLK-Pelle_LRR-III	-2,03114	n.s	-1,10131	n.s
XP_012071405.1	XM_012216015.3	LOC105633432	RLK-Pelle_PERK-2	-1,94326	DR	-1,27306	n.s
XP_012071442.1	XM_012216052.3	LOC105633464	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,234	DR	-0,437924	n.s
XP_012071492.1	XM_012216102.3	LOC105633501	CAMK_CAMKL-CHK1	0,133045	n.s	0,108498	n.s
XP_012071498.1	XM_012216108.3	LOC105633507	RLK-Pelle_LRR-VII-2	-2,12046	DR	-0,18837	n.s
XP_012071584.1	XM_012216194.3	LOC105633570	RLK-Pelle_LRR-II	-1,19068	DR	-0,0521558	n.s
XP_012071632.1	XM_012216242.3	LOC105633614	RLK-Pelle_LRR-XII-1	1,2996	n.s	1,51679	n.s
XP_012071656.1	XM_012216266.3	LOC105633641	AGC_NDR	-1,64463	DR	0,0906554	n.s
XP_012071712.1	XM_012216322.3	LOC105633688	STE_STE11	-1,8384	DR	-0,326687	n.s
XP_012071767.1	XM_012216377.3	LOC105633737	RLK-Pelle_LysM	-0,633435	n.s	0,474645	n.s
XP_012071855.1	XM_012216465.3	LOC105633796	RLK-Pelle_LRR-XIV	-1,96943	DR	0,892812	n.s
XP_012071921.1	XM_012216531.3	LOC105633840	CMGC_MAPK	0,178556	n.s	0,0824583	n.s
XP_012071932.1	XM_012216542.3	LOC105633846	TKL-PI-4	-0,0253342	n.s	0,307627	n.s
XP_012072003.1	XM_012216613.3	LOC105633913	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	-1,68083	DR	-0,196559	n.s

XP_012072017.1	XM_012216627.2	LOC105633930	AGC_RSK-2	-0,517872	n.s	0,101417	n.s
XP_012072264.1	XM_012216874.3	LOC105634091	RLK-Pelle_DLSV	-0,19235	n.s	0,116079	n.s
XP_012072359.1	XM_012216969.3	LOC105634159	RLK-Pelle_LRR-IX	-1,77904	DR	-0,608838	n.s
XP_012072390.1	XM_012217000.3	LOC105634182	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-3,18049	DR	-0,730967	n.s
XP_012072458.1	XM_012217068.3	LOC105634237	CAMK_OST1L	-0,236886	n.s	-0,18191	n.s
XP_012072534.1	XM_012217144.3	LOC105634309	RLK-Pelle_LRR-III	1,48568	UR	-1,59758	n.s
XP_012072583.1	XM_012217193.3	LOC105634348	RLK-Pelle_LRR-VII-1	-3,18917	DR	-1,11863	DR
XP_012072957.1	XM_012217567.3	LOC105634681	TKL_CTR1-DRK-2	-1,6851	DR	-0,237749	n.s
XP_012073020.1	XM_012217630.3	LOC105634727	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,19903	DR	-1,21186	DR
XP_012073038.1	XM_012217648.3	LOC105634738	RLK-Pelle_LRR-III	-2,10595	DR	-1,03763	DR
XP_012073103.1	XM_012217713.3	LOC105634793	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-2,73355	DR	-0,39822	n.s
XP_012073116.1	XM_012217726.3	LOC105634805	RLK-Pelle_PERK-1	-4,90585	n.s	0,0253493	n.s
XP_012073165.1	XM_012217775.3	LOC105634844	RLK-Pelle_RLCK-XV	-0,318777	n.s	0,0164387	n.s
XP_012073179.1	XM_012217789.3	LOC105634857	RLK-Pelle_SD-2b	-2,0092	DR	0,394998	n.s
XP_012073267.1	XM_012217877.3	LOC105634912	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-inf	no	-1,04187	n.s
XP_012073428.1	XM_012218038.3	LOC105635047	RLK-Pelle_PERK-1	-1,04139	DR	1,05367	n.s
XP_012073556.1	XM_012218166.3	LOC105635163	CMGC_CDK-PI	0,908807	n.s	0,0542792	n.s
XP_012073644.1	XM_012218254.3	LOC105635223	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,0804367	n.s	0,308542	n.s
XP_012073679.1	XM_012218289.3	LOC105635252	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	0,0952551	n.s	0,196906	n.s
XP_012073727.1	XM_012218337.3	LOC105635292	CAMK_CDPK	-0,724305	n.s	0,737037	n.s
XP_012073772.1	XM_012218382.3	LOC105635320	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,14301	DR	-0,876562	n.s
XP_012074085.1	XM_012218695.3	LOC105635613	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	-0,522767	n.s	0,0779849	n.s
XP_012074222.1	XM_012218832.3	LOC105635745	RLK-Pelle_DLSV	-1,47457	n.s	2,21787	n.s
XP_012074258.1	XM_012218868.3	LOC105635771	CAMK_CDPK	-2,61776	DR	0,128422	n.s
XP_012074324.1	XM_012218934.3	LOC105635815	RLK-Pelle_LRR-IX	-3,23809	DR	-0,749032	n.s
XP_012074415.1	XM_012219025.3	LOC105635891	CAMK_CDPK	-1,67981	DR	0,0967501	n.s
XP_012074538.1	XM_012219148.3	LOC105635991	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-0,143883	n.s	2,35095	UR
XP_012074802.2	XM_012219412.3	LOC105636206	RLK-Pelle_SD-2b	1,30249	n.s	3,45584	n.s
XP_012074870.1	XM_012219480.3	LOC105636251	CMGC_CLK	-0,841064	n.s	-0,371368	n.s
XP_012074945.1	XM_012219555.3	LOC105636302	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,0543292	n.s	0,00693958	n.s
XP_012074981.1	XM_012219591.3	LOC105636331	RLK-Pelle_L-LEC	0,00917887	n.s	0,995707	n.s

XP_012074984.1	XM_012219594.3	LOC105636334	RLK-Pelle_L-LEC	-1,76536	DR	0,507333	n.s
XP_012075029.2	XM_012219639.3	LOC105636380	RLK-Pelle_L-LEC	3,29672	n.s	inf	no
XP_012075115.1	XM_012219725.3	LOC105636450	RLK-Pelle_RLCK-Os	1,3958	n.s	0,291854	n.s
XP_012075199.1	XM_012219809.3	LOC105636524	RLK-Pelle_LRR-III	-0,0589839	n.s	-0,0938756	n.s
XP_012075333.1	XM_012219943.3	LOC105636620	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	0,000876743	n.s	0,20384	n.s
XP_012075350.1	XM_012219960.3	LOC105636636	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	-0,421815	n.s	-0,782	n.s
XP_012075363.1	XM_012219973.3	LOC105636649	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,566235	n.s	0,699777	n.s
XP_012075394.1	XM_012220004.2	LOC105636677	CMGC_MAPK	-0,114651	n.s	-0,164161	n.s
XP_012075610.1	XM_012220220.3	LOC105636846	RLK-Pelle_LRR-III	-2,46108	DR	-1,15338	DR
XP_012075612.1	XM_012220222.3	LOC105636848	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-3,32987	DR	-0,197171	n.s
XP_012075668.1	XM_012220278.3	LOC105636885	AGC_RSK-2	-0,124157	n.s	-0,143558	n.s
XP_012075707.1	XM_012220317.3	LOC105636916	RLK-Pelle_LRK10L-2	-1,79926	DR	-0,354411	n.s
XP_012075725.1	XM_012220335.3	LOC105636927	RLK-Pelle_LRR-III	-1,25542	DR	-0,36515	n.s
XP_012075734.1	XM_012220344.3	LOC105636934	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	1,18204	n.s	1,19449	n.s
XP_012075793.1	XM_012220403.3	LOC105637000	RLK-Pelle_LRR-III	-2,4611	DR	-0,270195	n.s
XP_012075878.1	XM_012220488.3	LOC105637090	AGC_RSK-2	-0,391116	n.s	-0,691524	n.s
XP_012075969.1	XM_012220579.2	LOC105637168	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,219864	n.s	0,366021	n.s
XP_012076278.1	XM_012220888.3	LOC105637433	TKL-PI-4	-0,530519	n.s	-0,0538449	n.s
XP_012076281.1	XM_012220891.3	LOC105637436	RLK-Pelle_RLCK-IXb	-3,42557	DR	-0,732852	n.s
XP_012076384.1	XM_012220994.3	LOC105637485	RLK-Pelle_L-LEC	-1,6043	n.s	-1,02543	n.s
XP_012076439.1	XM_012221049.3	LOC105637561	CAMK_CAMKL-CHK1	0,382487	n.s	0,863658	n.s
XP_012076552.2	XM_012221162.3	LOC105637629	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-2,38689	DR	-0,69967	n.s
XP_012076591.2	XM_012221201.3	LOC105637651	RLK-Pelle_LysM	-0,762445	n.s	1,43538	n.s
XP_012076697.1	XM_012221307.3	LOC105637723	RLK-Pelle_PERK-1	-1,6474	DR	-0,298323	n.s
XP_012076728.1	XM_012221338.3	LOC105637746	CMGC_CDK-CCRK	0,0715919	n.s	-0,116028	n.s
XP_012076755.1	XM_012221365.3	LOC105637764	AGC_PKA-PKG	-0,734965	n.s	-0,0758146	n.s
XP_012076849.1	XM_012221459.3	LOC105637831	CMGC_PI-Tthe	-2,30546	DR	-0,466075	n.s
XP_012076860.1	XM_012221470.2	LOC105637836	SCY1_SCYL2	-1,72048	DR	-0,398665	n.s
XP_012076957.1	XM_012221567.3	LOC105637899	CK1_CK1	-0,970005	n.s	0,0150516	n.s
XP_012076973.1	XM_012221583.3	LOC105637913	RLK-Pelle_RLCK-IXb	-1,81711	DR	0,136814	n.s
XP_012077054.1	XM_012221664.3	LOC105637968	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,162704	n.s	0,656723	n.s

XP_012077188.1	XM_012221798.3	LOC105638078	RLK-Pelle_LRR-XIIIb	-2,288	DR	-0,547486	n.s
XP_012077281.1	XM_012221891.3	LOC105638143	RLK-Pelle_LRR-III	-1,0884	DR	-0,156078	n.s
XP_012077378.1	XM_012221988.3	LOC105638212	RLK-Pelle_Singleton	-2,57152	DR	-0,514282	n.s
XP_012077398.1	XM_012222008.3	LOC105638229	RLK-Pelle_LRR-XI-1	0,683086	n.s	1,61159	UR
XP_012077403.1	XM_012222013.3	LOC105638231	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	-1,22436	DR	0,3059	n.s
XP_012077464.1	XM_012222074.3	LOC105638284	CMGC_CLK	-0,546146	n.s	-0,129436	n.s
XP_012077494.2	XM_012222104.3	LOC105638309	RLK-Pelle_LRR-III	-0,858231	n.s	-1,05682	n.s
XP_012077553.2	XM_012222163.3	LOC105638371	TKL-PI-8	-1,26374	n.s	-2,50689	n.s
XP_012077569.2	XM_012222179.3	LOC105638389	RLK-Pelle_PERK-1	-0,24067	n.s	-0,0580123	n.s
XP_012077671.1	XM_012222281.3	LOC105638470	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,43782	n.s	-0,256574	n.s
XP_012077675.1	XM_012222285.3	LOC105638476	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-1,93285	DR	-0,348189	n.s
XP_012077690.1	XM_012222300.3	LOC105638491	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-1,71568	DR	0,366863	n.s
XP_012077782.1	XM_012222392.3	LOC105638573	RLK-Pelle_RLCK-VI	-0,884778	n.s	-0,43279	n.s
XP_012077849.1	XM_012222459.3	LOC105638632	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	-2,9256	DR	-0,14573	n.s
XP_012077899.1	XM_012222509.3	LOC105638673	CMGC_MAPK	-3,01107	DR	-0,794604	n.s
XP_012078068.1	XM_012222678.3	LOC105638815	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-inf	no	-inf	no
XP_012078154.1	XM_012222764.3	LOC105638877	STE_STE11	0,638487	n.s	0,235903	n.s
XP_012078262.1	XM_012222872.3	LOC105638956	RLK-Pelle_RKF3	0,328441	n.s	2,36585	n.s
XP_012078312.1	XM_012222922.3	LOC105638989	CAMK_CAMKL-CHK1	1,10911	UR	0,0368035	n.s
XP_012078384.1	XM_012222994.3	LOC105639059	STE_STE7	1,24235	UR	0,507053	n.s
XP_012078477.1	XM_012223087.3	LOC105639133	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,69465	DR	-1,62572	DR
XP_012078693.1	XM_012223303.3	LOC105639294	RLK-Pelle_LRR-III	-0,928846	n.s	-0,276892	n.s
XP_012078722.1	XM_012223332.3	LOC105639319	RLK-Pelle_SD-2b	-0,896778	n.s	-0,113365	n.s
XP_012078806.2	XM_012223416.3	LOC105639377	CAMK_CAMKL-CHK1	-1,54229	DR	-0,0716586	n.s
XP_012078821.1	XM_012223431.3	LOC105639386	RLK-Pelle_C-LEC	-0,34552	n.s	-0,0276219	n.s
XP_012078895.1	XM_012223505.3	LOC105639439	TKL-PI-4	0,21837	n.s	0,0494541	n.s
XP_012078897.1	XM_012223507.2	LOC105639440	TKL-PI-4	-0,211163	n.s	0,0472861	n.s
XP_012078959.1	XM_012223569.3	LOC105639495	RLK-Pelle_URK-1	-1,86545	DR	-0,605352	n.s
XP_012078969.1	XM_012223579.3	LOC105639498	TKL-PI-7	-1,33112	DR	-0,341271	n.s
XP_012079103.1	XM_012223713.3	LOC105639607	RLK-Pelle_LysM	0,727829	n.s	1,5432	UR
XP_012079172.1	XM_012223782.2	LOC105639661	CAMK_OST1L	-0,801504	n.s	0,0894355	n.s

XP_012079184.1	XM_012223794.3	LOC105639671	STE_STE11	0,0995044	n.s	1,06712	n.s
XP_012079194.1	XM_012223804.3	LOC105639677	CAMK_CDPK	-0,727837	n.s	-0,225165	n.s
XP_012079238.1	XM_012223848.3	LOC105639714	STE_STE11	1,83228	UR	1,35977	n.s
XP_012079245.1	XM_012223855.3	LOC105639720	RLK-Pelle_RLCK-V	-0,979405	n.s	-0,512417	n.s
XP_012079291.1	XM_012223901.3	LOC105639755	RLK-Pelle_LRR-III	-0,953966	n.s	-0,852441	n.s
XP_012079309.1	XM_012223919.3	LOC105639769	RLK-Pelle_LRR-III	-1,82718	DR	-0,291948	n.s
XP_012079318.2	XM_012223928.3	LOC105639777	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-1,41794	DR	0,520855	n.s
XP_012079319.1	XM_012223929.3	LOC105639778	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-3,22413	DR	-0,464555	n.s
XP_012079370.1	XM_012223980.3	LOC105639820	CMGC_CK2	0,213246	n.s	-0,0189961	n.s
XP_012079387.1	XM_012223997.3	LOC105639833	CMGC_CK2	-0,418013	n.s	-0,29268	n.s
XP_012079493.1	XM_012224103.3	LOC105639909	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,25924	DR	-0,217431	n.s
XP_012079496.1	XM_012224106.3	LOC105639912	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,29814	DR	-0,711829	n.s
XP_012079696.1	XM_012224306.3	LOC105640084	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-1,24323	DR	0,18024	n.s
XP_012079697.1	XM_012224307.3	LOC105640086	RLK-Pelle_SD-2b	-2,65216	DR	0,132558	n.s
XP_012079733.1	XM_012224343.3	LOC105640113	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,6147	DR	0,143478	n.s
XP_012079944.1	XM_012224554.3	LOC105640279	RLK-Pelle_LRR-XI-2	-0,536024	n.s	0,937709	n.s
XP_012079979.1	XM_012224589.3	LOC105640306	TKL-PI-4	-1,41276	DR	-0,246213	n.s
XP_012079986.1	XM_012224596.2	LOC105640314	RLK-Pelle_L-LEC	-0,731023	n.s	0,24625	n.s
XP_012080088.2	XM_012224698.3	LOC105640401	TKL-PI-4	0,225892	n.s	0,0143939	n.s
XP_012080105.1	XM_012224715.3	LOC105640414	RLK-Pelle_LRR-III	0,359765	n.s	0,629095	n.s
XP_012080192.1	XM_012224802.3	LOC105640481	CAMK_CDPK	-0,788627	n.s	0,260771	n.s
XP_012080199.1	XM_012224809.3	LOC105640486	RLK-Pelle_LRR-XIIa	-1,55774	DR	-0,705629	n.s
XP_012080316.1	XM_012224926.3	LOC105640574	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	-1,82654	DR	-0,61496	n.s
XP_012080323.1	XM_012224933.3	LOC105640580	RLK-Pelle_LRR-Xb-2	-0,616881	n.s	1,68153	n.s
XP_012080508.1	XM_012225118.3	LOC105640723	RLK-Pelle_LRR-II	-1,17539	DR	-0,102439	n.s
XP_012080600.1	XM_012225210.3	LOC105640819	CMGC_DYRK-PRP4	-2,89216	DR	-0,569112	n.s
XP_012080809.1	XM_012225419.3	LOC105640985	RLK-Pelle_SD-2b	-1,92774	DR	0,115028	n.s
XP_012080826.1	XM_012225436.3	LOC105640998	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,601024	n.s	-0,287126	n.s
XP_012081018.1	XM_012225628.3	LOC105641145	CAMK_OST1L	0,432053	n.s	0,0889875	n.s
XP_012081028.2	XM_012225638.3	LOC105641151	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,523387	n.s	-0,509359	n.s
XP_012081199.1	XM_012225809.3	LOC105641290	RLK-Pelle_DLSV	-1,76158	DR	-0,0386718	n.s

XP_012081202.1	XM_012225812.3	LOC105641296	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-2,13274	DR	-0,932194	n.s
XP_012081326.1	XM_012225936.3	LOC105641406	RLK-Pelle_LRR-III	-1,60045	DR	0,095323	n.s
XP_012081446.1	XM_012226056.2	LOC105641495	STE_STE20-Fray	-3,64527	DR	-0,703841	n.s
XP_012081619.1	XM_012226229.3	LOC105641643	CAMK_OST1L	-0,251252	n.s	0,0281391	n.s
XP_012081674.1	XM_012226284.3	LOC105641693	RLK-Pelle_RLCK-IXb	-1,72512	DR	0,820978	n.s
XP_012081776.1	XM_012226386.3	LOC105641784	TKL-PI-4	-0,4716	n.s	-0,206549	n.s
XP_012081858.1	XM_012226468.3	LOC105641848	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-2,55586	DR	-0,286981	n.s
XP_012081947.1	XM_012226557.3	LOC105641906	CAMK_CDPK	-2,00392	DR	0,302702	n.s
XP_012081968.1	XM_012226578.3	LOC105641923	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-1,89894	DR	-1,06558	DR
XP_012082027.1	XM_012226637.3	LOC105641979	Group-PI-4	-1,29765	DR	-0,108683	n.s
XP_012082132.1	XM_012226742.3	LOC105642059	RLK-Pelle_LRR-III	-1,63571	DR	-0,881856	n.s
XP_012082271.1	XM_012226881.3	LOC105642166	RLK-Pelle_LRR-I-1	-2,58379	DR	-0,338804	n.s
XP_012082318.1	XM_012226928.3	LOC105642196	RLK-Pelle_L-LEC	-1,58647	DR	-0,516544	n.s
XP_012082351.1	XM_012226961.3	LOC105642211	RLK-Pelle_CR4L	-0,694652	n.s	0,863279	n.s
XP_012082521.1	XM_012227131.3	LOC105642323	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	-1,65696	n.s	0,462406	n.s
XP_012082536.1	XM_012227146.3	LOC105642336	CMGC_SRPK	-0,611882	n.s	0,159765	n.s
XP_012082544.1	XM_012227154.3	LOC105642343	RLK-Pelle_LRR-III	-1,65799	DR	-0,791279	n.s
XP_012082558.1	XM_012227168.3	LOC105642349	RLK-Pelle_LRR-Xa	-1,23097	DR	-0,193644	n.s
XP_012082711.1	XM_012227321.3	LOC105642482	WEE	-2,54854	DR	-1,02563	n.s
XP_012082965.1	XM_012227575.2	LOC105642671	CMGC_GSK	-0,858069	n.s	0,119865	n.s
XP_012082980.1	XM_012227590.3	LOC105642685	RLK-Pelle_RLCK-VIII	0,422257	n.s	-0,195347	n.s
XP_012083086.1	XM_012227696.3	LOC105642761	Group-PI-3	-3,38245	DR	-0,697895	n.s
XP_012083127.1	XM_012227737.3	LOC105642793	CAMK_CDPK	-1,29735	DR	-0,0135574	n.s
XP_012083324.1	XM_012227934.3	LOC105642942	RLK-Pelle_RLCK-V	-0,289117	n.s	-0,265853	n.s
XP_012083328.1	XM_012227938.3	LOC105642944	CMGC_MAPK	-0,412923	n.s	0,00200166	n.s
XP_012083346.1	XM_012227956.3	LOC105642956	RLK-Pelle_RLCK-IV	-0,500901	n.s	-0,272327	n.s
XP_012083353.1	XM_012227963.3	LOC105642959	RLK-Pelle_SD-2b	-2,52898	DR	-0,647367	n.s
XP_012083379.1	XM_012227989.3	LOC105642976	RLK-Pelle_RLCK-IXb	-2,04859	DR	-0,272685	n.s
XP_012083413.1	XM_012228023.3	LOC105642999	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	-0,420442	n.s	-0,30279	n.s
XP_012083467.1	XM_012228077.3	LOC105643039	CMGC_GSK	-0,4199	n.s	-0,0268824	n.s
XP_012083545.1	XM_012228155.3	LOC105643097	Aur	0,716307	n.s	-0,217435	n.s

XP_012083586.1	XM_012228196.3	LOC105643130	RLK-Pelle_LRR-IV	-1,52958	DR	-0,510013	n.s
XP_012084329.1	XM_012228939.3	LOC105643741	STE_STE7	-0,927539	n.s	-0,465897	n.s
XP_012084524.1	XM_012229134.3	LOC105643896	CAMK_CDPK	-2,01718	DR	-0,419854	n.s
XP_012084751.1	XM_012229361.3	LOC105644102	CAMK_AMPK	-1,06222	DR	-0,207339	n.s
XP_012084756.1	XM_012229366.3	LOC105644106	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	-2,54642	DR	-0,0232249	n.s
XP_012084828.1	XM_012229438.3	LOC105644164	RLK-Pelle_LRR-XV	-1,81945	DR	-0,785652	n.s
XP_012084844.1	XM_012229454.3	LOC105644180	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-0,216739	n.s	0,455047	n.s
XP_012084908.1	XM_012229518.3	LOC105644235	CAMK_CAMK1-DCAMKL	0,745811	n.s	1,06787	n.s
XP_012084963.1	XM_012229573.3	LOC105644275	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	-2,68543	DR	-0,483249	n.s
XP_012085095.1	XM_012229705.3	LOC105644383	AGC_RSK-2	-0,293468	n.s	0,377666	n.s
XP_012085105.1	XM_012229715.3	LOC105644393	RLK-Pelle_LRR-I-1	-2,41012	DR	-0,0446836	n.s
XP_012085161.1	XM_012229771.3	LOC105644425	RLK-Pelle_LRR-III	-2,7014	DR	-0,773379	n.s
XP_012085166.1	XM_012229776.3	LOC105644430	RLK-Pelle_LRR-XI-1	2,14589	n.s	inf	no
XP_012085218.1	XM_012229828.3	LOC105644470	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-1,86936	DR	-0,502057	n.s
XP_012085285.1	XM_012229895.3	LOC105644516	CK1_CK1	-1,09603	DR	0,0471948	n.s
XP_012085434.1	XM_012230044.3	LOC105644628	RLK-Pelle_LRR-II	-1,33853	DR	-0,355699	n.s
XP_012085443.1	XM_012230053.3	LOC105644634	RLK-Pelle_DLSV	-1,5471	DR	-0,00747465	n.s
XP_012085505.1	XM_012230115.3	LOC105644683	CMGC_CLK	0,313939	n.s	2,26257	n.s
XP_012085656.1	XM_012230266.3	LOC105644791	RLK-Pelle_LRR-III	-1,46105	DR	-0,353577	n.s
XP_012085727.1	XM_012230337.3	LOC105644846	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,686904	n.s	0,598467	n.s
XP_012085744.1	XM_012230354.3	LOC105644862	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	-0,0330012	n.s	0,430398	n.s
XP_012085845.1	XM_012230455.3	LOC105644947	RLK-Pelle_LRR-IX	-1,72088	DR	-0,273956	n.s
XP_012085847.2	XM_012230457.3	LOC105644949	RLK-Pelle_SD-2b	2,46969	n.s	3,61389	n.s
XP_012085904.1	XM_012230514.3	LOC105645011	RLK-Pelle_WAK	-1,37003	DR	1,04097	n.s
XP_012086115.1	XM_012230725.3	LOC105645193	RLK-Pelle_SD-2b	-2,52285	DR	-0,00391614	n.s
XP_012086139.1	XM_012230749.2	LOC105645212	CAMK_CDPK	-1,9103	DR	0,068444	n.s
XP_012086152.1	XM_012230762.3	LOC105645221	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,32812	DR	-0,56432	n.s
XP_012086419.1	XM_012231029.3	LOC105645425	RLK-Pelle_LRR-III	-1,38103	DR	-0,387432	n.s
XP_012086448.1	XM_012231058.3	LOC105645453	RLK-Pelle_LRR-IX	-1,81571	DR	-0,680119	n.s
XP_012086585.1	XM_012231195.3	LOC105645567	RLK-Pelle_RLCK-XIII	1,00713	UR	0,711739	n.s
XP_012086644.1	XM_012231254.3	LOC105645608	RLK-Pelle_LRR-III	-1,05529	DR	-0,392217	n.s

XP_012086675.1	XM_012231285.3	LOC105645637	CMGC_CDK-CDK8	-0,587987	n.s	-0,0249312	n.s
XP_012086772.1	XM_012231382.3	LOC105645711	RLK-Pelle_LRR-III	-1,17531	DR	-0,512364	n.s
XP_012086799.1	XM_012231409.3	LOC105645731	CAMK_CDPK	-1,4977	DR	-0,111877	n.s
XP_012086832.1	XM_012231442.2	LOC105645760	CMGC_MAPK	0,0212626	n.s	-0,663866	n.s
XP_012086888.1	XM_012231498.3	LOC105645772	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-3,06112	DR	-0,213631	n.s
XP_012086904.1	XM_012231514.3	LOC105645809	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	-0,602433	n.s	-0,27492	n.s
XP_012086926.1	XM_012231536.3	LOC105645821	RLK-Pelle_LRR-VI-2	-0,923561	n.s	0,0689076	n.s
XP_012087063.1	XM_012231673.3	LOC105645929	RLK-Pelle_LRR-VII-1	-2,47408	n.s	-0,960726	n.s
XP_012087100.1	XM_012231710.3	LOC105645957	RLK-Pelle_LRR-IV	-1,75874	DR	-0,635916	n.s
XP_012087219.1	XM_012231829.3	LOC105646061	TKL_CTR1-DRK-2	-1,36889	DR	0,628377	n.s
XP_012087257.1	XM_012231867.3	LOC105646102	CAMK_OST1L	-0,107879	n.s	-0,948265	n.s
XP_012087443.1	XM_012232053.3	LOC105646235	RLK-Pelle_SD-2b	-0,162334	n.s	0,574267	n.s
XP_012087461.2	XM_012232071.3	LOC105646253	RLK-Pelle_CR4L	-1,67266	DR	-1,24221	n.s
XP_012087603.1	XM_012232213.3	LOC105646365	STE_STE11	1,86412	UR	0,791772	n.s
XP_012087677.1	XM_012232287.3	LOC105646432	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	-1,18336	DR	-0,107895	n.s
XP_012087800.1	XM_012232410.3	LOC105646544	RLK-Pelle_LRR-V	-1,44267	n.s	-1,99857	n.s
XP_012087842.1	XM_012232452.3	LOC105646583	CAMK_CDPK	-0,934257	n.s	-0,42814	n.s
XP_012087882.1	XM_012232492.3	LOC105646609	RLK-Pelle_DLSV	0,116384	n.s	0,211242	n.s
XP_012087887.1	XM_012232497.3	LOC105646614	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-2,03085	DR	-0,0843443	n.s
XP_012087964.1	XM_012232574.3	LOC105646671	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	-0,476941	n.s	-0,493402	n.s
XP_012088046.1	XM_012232656.3	LOC105646733	RLK-Pelle_LRR-III	-1,37785	DR	-0,842046	n.s
XP_012088120.1	XM_012232730.2	LOC105646793	RLK-Pelle_LRR-II	-1,98681	DR	-0,0116217	n.s
XP_012088147.1	XM_012232757.3	LOC105646816	RLK-Pelle_PERK-1	-2,30785	DR	-0,540305	n.s
XP_012088210.1	XM_012232820.3	LOC105646884	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,08441	DR	0,267528	n.s
XP_012088375.1	XM_012232985.3	LOC105647015	CAMK_CDPK	-0,50284	n.s	0,294271	n.s
XP_012088417.1	XM_012233027.3	LOC105647047	RLK-Pelle_SD-2b	-2,48344	DR	-3,47317E-05	n.s
XP_012088575.2	XM_012233185.3	LOC105647181	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	-0,715381	n.s	0,717489	n.s
XP_012088723.1	XM_012233333.3	LOC105647309	RLK-Pelle_LRR-XI-2	-0,768085	n.s	-0,674718	n.s
XP_012088795.1	XM_012233405.3	LOC105647354	RLK-Pelle_L-LEC	-1,01658	DR	-0,0809857	n.s
XP_012088843.1	XM_012233453.3	LOC105647389	CMGC_GSK	-0,0756779	n.s	-0,257463	n.s
XP_012089179.1	XM_012233789.3	LOC105647627	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,826411	n.s	0,371357	n.s

XP_012089199.1	XM_012233809.3	LOC105647645	TKL_CTR1-DRK-2	-1,57686	DR	-0,168501	n.s
XP_012089217.1	XM_012233827.2	LOC105647659	WNK_NRBP	-2,32351	DR	-0,496368	n.s
XP_012089319.1	XM_012233929.3	LOC105647734	CAMK_CDPK	0,70811	n.s	0,560356	n.s
XP_012089454.1	XM_012234064.3	LOC105647837	RLK-Pelle_RKF3	2,06154	n.s	1,38627	n.s
XP_012089559.1	XM_012234169.3	LOC105647945	RLK-Pelle_LRR-IX	-2,73645	DR	-0,997429	n.s
XP_012089632.1	XM_012234242.3	LOC105648000	AGC_RSK-2	-0,694822	n.s	-0,6681	n.s
XP_012089681.1	XM_012234291.2	LOC105648035	RLK-Pelle_LRR-II	-2,29695	DR	-0,865873	n.s
XP_012089700.1	XM_012234310.3	LOC105648048	CAMK_CAMKL-CHK1	0,508869	n.s	-0,0434084	n.s
XP_012089771.1	XM_012234381.3	LOC105648089	RLK-Pelle_LRR-III	-1,5029	DR	-0,45692	n.s
XP_012089961.2	XM_012234571.3	LOC105648251	AGC_RSK-2	-0,813583	n.s	-0,0297029	n.s
XP_012089969.1	XM_012234579.3	LOC105648256	NEK	-0,846827	n.s	0,489845	n.s
XP_012090087.1	XM_012234697.3	LOC105648342	RLK-Pelle_LRK10L-2	1,31864	n.s	3,35544	n.s
XP_012090100.1	XM_012234710.3	LOC105648351	RLK-Pelle_LRK10L-2	-0,595851	n.s	0,799013	n.s
XP_012090189.2	XM_012234799.3	LOC105648420	AGC_PDK1	-1,56303	DR	-0,140907	n.s
XP_012090287.1	XM_012234897.3	LOC105648494	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-3,38787	DR	-0,961757	n.s
XP_012090359.2	XM_012234969.3	LOC105648548	RLK-Pelle_RLCK-XI	-0,873135	n.s	-0,0068426	n.s
XP_012090406.1	XM_012235016.3	LOC105648583	RLK-Pelle_LRR-IV	-0,664617	n.s	-0,704596	n.s
XP_012090461.1	XM_012235071.3	LOC105648625	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,16191	DR	-0,555747	n.s
XP_012090493.1	XM_012235103.3	LOC105648645	RLK-Pelle_LRR-III	-2,16767	DR	-0,831476	n.s
XP_012090624.1	XM_012235234.3	LOC105648747	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	-0,932689	n.s	-0,282018	n.s
XP_012090763.1	XM_012235373.3	LOC105648871	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,04899	DR	-0,675059	n.s
XP_012090964.1	XM_012235574.3	LOC105649049	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,0458624	n.s	-0,586615	n.s
XP_012090971.1	XM_012235581.2	LOC105649053	CMGC_CDK-PI	0,646085	n.s	-0,0947201	n.s
XP_012091054.1	XM_012235664.3	LOC105649108	RLK-Pelle_RLCK-II	-0,184539	n.s	0,350783	n.s
XP_012091060.1	XM_012235670.2	LOC105649111	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-1,51063	DR	-0,694233	n.s
XP_012091113.1	XM_012235723.3	LOC105649155	AGC-PI	-0,515549	n.s	0,536522	n.s
XP_012091138.1	XM_012235748.3	LOC105649173	RLK-Pelle_LRR-VII-1	-1,49542	DR	-0,964958	n.s
XP_012091224.1	XM_012235834.3	LOC105649240	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	1,7559	UR	2,05575	UR
XP_012091262.1	XM_012235872.3	LOC105649271	TKL-PI-4	0,230597	n.s	0,663281	n.s
XP_012091420.2	XM_012236030.3	LOC105649397	RLK-Pelle_DLSV	-0,493885	n.s	-3,28306	n.s
XP_012091447.1	XM_012236057.3	LOC105649421	RLK-Pelle_DLSV	-1,86563	DR	-0,250447	n.s

XP_012091451.3	XM_012236061.3	LOC105649426	RLK-Pelle_DLSV	-2,78831	DR	-0,0914293	n.s
XP_012091571.1	XM_012236181.3	LOC105649516	RLK-Pelle_DLSV	-0,0761472	n.s	0,390672	n.s
XP_012091610.1	XM_012236220.3	LOC105649548	RLK-Pelle_L-LEC	-1,5866	DR	1,00223	n.s
XP_012091787.1	XM_012236397.3	LOC105649676	RLK-Pelle_LRR-VI-2	-1,41855	DR	-0,554175	n.s
XP_012091804.1	XM_012236414.3	LOC105649688	RLK-Pelle_LRR-II	1,82531	n.s	-0,0282013	n.s
XP_012091837.2	XM_012236447.3	LOC105649712	RLK-Pelle_SD-2b	-2,25769	DR	-0,301333	n.s
XP_012091856.1	XM_012236466.3	LOC105649727	TKL-PI-5	-0,735094	n.s	-0,249751	n.s
XP_012091941.1	XM_012236551.3	LOC105649776	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,857894	n.s	-0,00658717	n.s
XP_012091998.1	XM_012236608.3	LOC105649813	RLK-Pelle_LRR-Xa	-0,16013	n.s	-0,273095	n.s
XP_012092052.1	XM_012236662.3	LOC105649851	RLK-Pelle_RLCK-VIIb	0,818887	n.s	-0,219215	n.s
XP_012092196.1	XM_012236806.3	LOC105649958	TKL-PI-4	0,848172	n.s	-0,0399318	n.s
XP_012092322.1	XM_012236932.3	LOC105650054	RLK-Pelle_RKF3	-0,699778	n.s	-0,211567	n.s
XP_012092364.1	XM_012236974.3	LOC105650089	STE_STE11	0,599817	n.s	-0,561817	n.s
XP_012092438.1	XM_012237048.3	LOC105650167	RLK-Pelle_SD-2b	-1,82042	DR	-0,305326	n.s
XP_012092540.1	XM_012237150.3	LOC105650282	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-1,19256	DR	-0,117106	n.s
XP_012092541.1	XM_012237151.3	LOC105650283	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,699403	n.s	0,402796	n.s
XP_012092618.1	XM_012237228.3	LOC105650343	RLK-Pelle_SD-2b	3,68875	n.s	1,65914	n.s
XP_012092619.1	XM_012237229.3	LOC105650344	NAK	-1,26126	DR	-0,0702496	n.s
XP_012092717.3	XM_012237327.3	LOC105650427	RLK-Pelle_URK-2	-1,83544	n.s	-2,5018	n.s
XP_012093027.1	XM_012237637.3	LOC105650692	RLK-Pelle_DLSV	-0,192278	n.s	0,053754	n.s
XP_012093288.1	XM_012237898.3	LOC105650931	RLK-Pelle_LysM	0,00598918	n.s	0,257	n.s
XP_012093319.1	XM_012237929.3	LOC105650959	CK1_CK1-PI	-1,53513	DR	-0,0380241	n.s
XP_020532385.1	XM_020676726.2	LOC105650850	RLK-Pelle_LysM	0,195558	n.s	0,477301	n.s
XP_020532584.1	XM_020676925.2	LOC105628107	CAMK_CAMKL-LKB	-1,01204	DR	-0,0349709	n.s
XP_020532649.1	XM_020676990.2	LOC105628161	CMGC_MAPK	-0,00382954	n.s	0,882427	n.s
XP_020533228.2	XM_020677569.2	LOC105629766	STE_STE7	1,08743	UR	1,82235	UR
XP_020533690.1	XM_020678031.2	LOC105631019	RLK-Pelle_SD-2b	-2,41728	n.s	-0,755864	n.s
XP_020533947.1	XM_020678288.1	LOC105631620	CAMK_CDPK	-1,68324	DR	-0,160257	n.s
XP_020534031.2	XM_020678372.2	LOC110008606	RLK-Pelle_LRR-I-1	-1,74185	DR	-1,42133	n.s
XP_020534226.1	XM_020678567.2	LOC105632224	STE_STE20-Fray	-0,957901	n.s	0,530242	n.s
XP_020534481.2	XM_020678822.2	LOC105633274	STE_STE11	-0,179066	n.s	0,345087	n.s

XP_020535303.2	XM_020679644.2	LOC105634959	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,550575	n.s	0,990176	n.s
XP_020535320.1	XM_020679661.1	LOC105634841	TKL-PI-1	-0,44119	n.s	-0,688412	n.s
XP_020535344.2	XM_020679685.2	LOC105635083	RLK-Pelle_DLSV	2,14114	UR	3,83358	n.s
XP_020535352.1	XM_020679693.2	LOC105634982	RLK-Pelle_DLSV	1,50179	n.s	1,87738	n.s
XP_020535410.1	XM_020679751.2	LOC105635414	RLK-Pelle_RLCK-VI	1,22697	n.s	0,976864	n.s
XP_020535444.2	XM_020679785.2	LOC105635221	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	-0,5362	n.s	-0,521592	n.s
XP_020535582.1	XM_020679923.2	LOC105635180	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	-0,389951	n.s	-0,385035	n.s
XP_020535713.1	XM_020680054.2	LOC105636058	RLK-Pelle_L-LEC	1,91571	UR	2,01382	UR
XP_020536863.1	XM_020681204.2	LOC105639053	RLK-Pelle_WAK	-1,86802	DR	-0,882499	n.s
XP_020536907.1	XM_020681248.2	LOC105639002	RLK-Pelle_RLCK-VI	-1,48579	DR	-0,219936	n.s
XP_020536968.1	XM_020681309.2	LOC105639116	RLK-Pelle_LRR-IX	-2,71398	DR	-0,695123	n.s
XP_020537185.1	XM_020681526.2	LOC105640004	RLK-Pelle_LRR-I-1	-0,344734	n.s	0,601666	n.s
XP_020537463.1	XM_020681804.2	LOC105640735	RLK-Pelle_LysM	-1,80628	DR	-0,551866	n.s
XP_020537536.1	XM_020681877.2	LOC105640769	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-0,773233	n.s	-0,358867	n.s
XP_020538338.1	XM_020682679.2	LOC105643037	RLK-Pelle_LRR-III	-0,669336	n.s	0,148069	n.s
XP_020538694.2	XM_020683035.2	LOC105643612	CMGC_CDKL-Cr	-2,68847	DR	-0,15702	n.s
XP_020538871.2	XM_020683212.2	LOC105644201	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-0,22927	n.s	0,444784	n.s
XP_020538883.2	XM_020683224.2	LOC105644179	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-3,05029	DR	-0,24879	n.s
XP_020539805.1	XM_020684146.2	LOC105646236	RLK-Pelle_SD-2b	1,74672	n.s	0,0689531	n.s
XP_020539993.1	XM_020684334.2	LOC105646692	Group-PI-3	-2,39474	DR	-0,601545	n.s
XP_020540108.1	XM_020684449.2	LOC105646927	CMGC_CDK-CRK7-CDK9	-1,70796	DR	0,536434	n.s
XP_020540144.1	XM_020684485.2	LOC105647130	RLK-Pelle_LRR-I-1	-0,224559	n.s	-0,379563	n.s
XP_020540421.1	XM_020684762.2	LOC105649054	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-5,1165	DR	-2,13767	DR
XP_020540672.1	XM_020685013.2	LOC105648865	AGC_MAST	-1,87983	DR	-0,122757	n.s
XP_020540740.1	XM_020685081.2	LOC105648426	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-1,89509	DR	-0,319075	n.s
XP_020540903.1	XM_020685244.2	LOC105649103	RLK-Pelle_LRR-VII-1	-2,28027	DR	-0,686501	n.s
XP_020540978.1	XM_020685319.2	LOC105649299	RLK-Pelle_LysM	-1,5012	DR	0,178281	n.s
XP_020541021.1	XM_020685362.2	LOC105650128	RLK-Pelle_DLSV	-2,48861	DR	0,339172	n.s
XP_020541046.1	XM_020685387.2	LOC105650126	RLK-Pelle_DLSV	-1,02003	n.s	-0,0533556	n.s
XP_020541063.1	XM_020685404.2	LOC110011048	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	0,296128	n.s	0,106073	n.s
XP_020541127.1	XM_020685468.2	LOC105650142	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,02102	DR	-0,277316	n.s

XP_020541200.1	XM_020685541.2	LOC105649679	CAMK_CAMKL-CHK1	-1,82395	n.s	0,739608	n.s
XP_037491045.1	XM_037635117.1	LOC105648487	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-1,14058	n.s	-0,0288552	n.s
XP_037491046.1	XM_037635118.1	LOC105650383	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,335429	n.s	0,430608	n.s
XP_037491047.1	XM_037635119.1	LOC105648464	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,485733	n.s	-0,275287	n.s
XP_037491147.1	XM_037635219.1	LOC119369189	RLK-Pelle_WAK	-1,71103	DR	0,244186	n.s
XP_037491159.1	XM_037635231.1	LOC105645543	STE_STE11	-2,79481	DR	-0,612496	n.s
XP_037491164.1	XM_037635236.1	LOC105629767	STE_STE11	-1,61865	n.s	0,800774	n.s
XP_037491175.1	XM_037635247.1	LOC105629733	STE_STE11	-2,07041	DR	-1,07439	n.s
XP_037491181.1	XM_037635253.1	LOC105631568	STE_STE11	-2,09793	n.s	-0,115677	n.s
XP_037491183.1	XM_037635255.1	LOC105631566	STE_STE11	-2,02621	DR	-0,216031	n.s
XP_037491184.1	XM_037635256.1	LOC119369198	STE_STE11	-0,421669	n.s	-1,82624	n.s
XP_037491503.1	XM_037635575.1	LOC105629398	RLK-Pelle_LRK10L-2	-inf	no	-0,189615	n.s
XP_037491508.1	XM_037635580.1	LOC105629351	RLK-Pelle_WAK	-0,48046	n.s	1,77906	n.s
XP_037491665.1	XM_037635737.1	LOC105650730	RLK-Pelle_LRK10L-2	-3,44547	n.s	-0,107724	n.s
XP_037491702.1	XM_037635774.1	LOC105645406	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-1,47265	n.s	0,056084	n.s
XP_037491703.1	XM_037635775.1	LOC105650935	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-1,99821	DR	-0,544027	n.s
XP_037491742.1	XM_037635814.1	LOC105641724	RLK-Pelle_LRR-II	-0,489605	n.s	0,489295	n.s
XP_037491849.1	XM_037635921.1	LOC105648859	RLK-Pelle_RLCK-XV	-0,289446	n.s	0,352557	n.s
XP_037492037.1	XM_037636109.1	LOC105649795	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	-1,13298	DR	-0,0374012	n.s
XP_037492096.1	XM_037636168.1	LOC105650731	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	-1,33765	DR	-0,258967	n.s
XP_037492173.1	XM_037636245.1	LOC105632438	CMGC_MAPK	-1,51654	DR	-0,180466	n.s
XP_037492185.1	XM_037636257.1	LOC105637010	RLK-Pelle_DLSV	-2,90005	n.s	0,201773	n.s
XP_037492265.1	XM_037636337.1	LOC105643987	RLK-Pelle_LRR-III	-inf	no	-1,37125	n.s
XP_037492576.1	XM_037636648.1	LOC105634526	RLK-Pelle_L-LEC	0,423421	n.s	1,88402	n.s
XP_037492614.1	XM_037636686.1	LOC105631222	RLK-Pelle_CR4L	-2,33083	DR	-0,827267	n.s
XP_037492628.1	XM_037636700.1	LOC105633572	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-2,91198	DR	-0,461901	n.s
XP_037492694.1	XM_037636766.1	LOC119369864	RLK-Pelle_L-LEC	3,62839	UR	0,846899	n.s
XP_037492711.1	XM_037636783.1	LOC105646183	RLK-Pelle_CR4L	-1,01733	DR	0,0966738	n.s
XP_037492714.1	XM_037636786.1	LOC105648824	RLK-Pelle_CR4L	-0,798968	n.s	1,08919	n.s
XP_037492715.1	XM_037636787.1	LOC110010975	RLK-Pelle_CR4L	-0,5505	n.s	-0,0390799	n.s
XP_037492719.1	XM_037636791.1	LOC105646222	RLK-Pelle_CR4L	0	n.s	0,449223	n.s

XP_037492970.1	XM_037637042.1	LOC105647145	RLK-Pelle_DLSV	-1,74485	DR	2,74456	n.s
XP_037492982.1	XM_037637054.1	LOC105647144	RLK-Pelle_DLSV	-3,17879	DR	-0,225481	n.s
XP_037493003.1	XM_037637075.1	LOC105633609	RLK-Pelle_DLSV	-1,49488	DR	-1,05764	n.s
XP_037493061.1	XM_037637133.1	LOC105647143	RLK-Pelle_DLSV	-2,42664	DR	-0,61695	n.s
XP_037493062.1	XM_037637134.1	LOC105647143	RLK-Pelle_DLSV	-2,74588	DR	-0,0499533	n.s
XP_037493223.1	XM_037637295.1	LOC105633483	RLK-Pelle_DLSV	0,172603	n.s	-0,0568934	n.s
XP_037493337.1	XM_037637409.1	LOC105646329	RLK-Pelle_L-LEC	0,272896	n.s	-0,278011	n.s
XP_037493339.1	XM_037637411.1	LOC105646324	RLK-Pelle_L-LEC	0,388864	n.s	0,18045	n.s
XP_037493480.1	XM_037637552.1	LOC105633218	RLK-Pelle_DLSV	0,627008	n.s	1,07919	n.s
XP_037493481.1	XM_037637553.1	LOC105633219	RLK-Pelle_DLSV	-1,11846	n.s	0,361479	n.s
XP_037493484.1	XM_037637556.1	LOC105633227	RLK-Pelle_DLSV	-3,00654	DR	-0,0436193	n.s
XP_037493496.1	XM_037637568.1	LOC105646186	RLK-Pelle_DLSV	-2,10378	DR	-0,179076	n.s
XP_037493498.1	XM_037637570.1	LOC119369089	RLK-Pelle_DLSV	-3,37198	DR	-0,924385	n.s
XP_037493522.1	XM_037637594.1	LOC105637583	RLK-Pelle_RLCK-X	-0,466145	n.s	-0,568611	n.s
XP_037493551.1	XM_037637623.1	LOC105646127	RLK-Pelle_RLCK-IXb	-1,09812	DR	-0,541399	n.s
XP_037493569.1	XM_037637641.1	LOC105645846	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-2,3424	DR	-0,70552	n.s
XP_037493635.1	XM_037637707.1	LOC105633220	RLK-Pelle_DLSV	-4,55656	n.s	-0,25025	n.s
XP_037493783.1	XM_037637855.1	LOC105629750	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-3,7384	DR	-1,07977	n.s
XP_037493817.1	XM_037637889.1	LOC105640131	RLK-Pelle_SD-2b	-1,65742	DR	-6,37137E-05	n.s
XP_037493926.1	XM_037637998.1	LOC105650163	RLK-Pelle_DLSV	-2,31333	DR	0,415468	n.s
XP_037493970.1	XM_037638042.1	LOC119370276	RLK-Pelle_DLSV	1,12445	UR	1,91731	UR
XP_037493984.1	XM_037638056.1	LOC105643394	RLK-Pelle_DLSV	-0,746824	n.s	1,50718	n.s
XP_037494053.1	XM_037638125.1	LOC105648914	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-0,575594	n.s	-inf	no
XP_037494129.1	XM_037638201.1	LOC105649045	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-1,13747	n.s	11,1296	n.s
XP_037494167.1	XM_037638239.1	LOC105628770	RLK-Pelle_CR4L	-2,4216	DR	-0,898636	n.s
XP_037494338.1	XM_037638410.1	LOC105630935	RLK-Pelle_RLCK-V	-0,8295	n.s	-0,386566	n.s
XP_037494348.1	XM_037638420.1	LOC105647044	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-3,26399	DR	-0,275287	n.s
XP_037494555.1	XM_037638627.1	LOC105634938	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	1,33783	UR	0,544738	n.s
XP_037494556.1	XM_037638628.1	LOC105635572	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,925434	n.s	1,01479	n.s
XP_037494612.1	XM_037638684.1	LOC105642089	RLK-Pelle_WAK_LRK10L-1	0,984234	n.s	1,09687	n.s
XP_037494616.1	XM_037638688.1	LOC110008697	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-inf	no	-0,148142	n.s

XP_037494664.1	XM_037638736.1	LOC105649413	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-1,63666	n.s	0,667169	n.s
XP_037494677.1	XM_037638749.1	LOC105649101	RLK-Pelle_LRR-XII-1	1,79562	UR	inf	no
XP_037494678.1	XM_037638750.1	LOC105649084	RLK-Pelle_LRR-XII-1	0,288793	n.s	0,75472	n.s
XP_037494751.1	XM_037638823.1	LOC105638804	RLK-Pelle_LRK10L-2	-1,41587	DR	-0,144535	n.s
XP_037494753.1	XM_037638825.1	LOC105638763	RLK-Pelle_LRK10L-2	-1,14881	n.s	-0,968011	n.s
XP_037494771.1	XM_037638843.1	LOC105630367	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-1	1,42481	n.s	1,4806	n.s
XP_037494775.1	XM_037638847.1	LOC105643620	RLK-Pelle_RLCK-V	-1,27386	DR	0,14237	n.s
XP_037494845.1	XM_037638917.1	LOC105638810	RLK-Pelle_LRK10L-2	-0,968669	n.s	-0,375627	n.s
XP_037495025.1	XM_037639097.1	LOC105648097	STE_STE11	-1,50188	DR	0,58814	n.s
XP_037495166.1	XM_037639238.1	LOC119370660	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-3,51148	DR	0,0948315	n.s
XP_037495337.1	XM_037639409.1	LOC105648389	RLK-Pelle_SD-2b	-0,660107	n.s	1,153	n.s
XP_037495355.1	XM_037639427.1	LOC105648373	RLK-Pelle_LRR-III	-1,66446	DR	-0,368458	n.s
XP_037495474.1	XM_037639546.1	LOC105640083	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-1,6064	n.s	0,90283	n.s
XP_037495517.1	XM_037639589.1	LOC105649936	CMGC_GSKL	-2,54465	DR	-0,517204	n.s
XP_037495565.1	XM_037639637.1	LOC105645574	STE_STE20-Fray	-1,97913	DR	-0,0291431	n.s
XP_037495639.1	XM_037639711.1	LOC105646982	RLK-Pelle_LRR-V	-1,70451	DR	-0,0604601	n.s
XP_037495776.1	XM_037639848.1	LOC105644567	CMGC_RCK	-1,78041	DR	-0,320826	n.s
XP_037495902.1	XM_037639974.1	LOC105638628	RLK-Pelle_DLSV	-0,596715	n.s	1,08827	n.s
XP_037495905.1	XM_037639977.1	LOC105638625	RLK-Pelle_DLSV	-0,0185146	n.s	0	n.s
XP_037495919.1	XM_037639991.1	LOC119370905	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-2,69686	n.s	-0,0138493	n.s
XP_037495920.1	XM_037639992.1	LOC105638617	RLK-Pelle_LRR-Xa	0,269309	n.s	2,52567	UR
XP_037495923.1	XM_037639995.1	LOC105643282	RLK-Pelle_RLCK-XII-1	-1,89812	DR	-0,266923	n.s
XP_037495944.1	XM_037640016.1	LOC105646234	RLK-Pelle_SD-2b	-1,08803	DR	0,0223634	n.s
XP_037496153.1	XM_037640225.1	LOC105630653	RLK-Pelle_WAK	2,05679	n.s	-0,399122	n.s
XP_037496207.1	XM_037640279.1	LOC105642633	RLK-Pelle_Extensin	-3,38303	DR	-0,850017	n.s
XP_037496366.1	XM_037640438.1	LOC105642240	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,145622	n.s	0,54857	n.s
XP_037496367.1	XM_037640439.1	LOC105633334	CAMK_OST1L	-0,648539	n.s	0,008029	n.s
XP_037496475.1	XM_037640547.1	LOC105633422	RLK-Pelle_LRR-XII-1	0,985274	n.s	1,26483	n.s
XP_037496540.1	XM_037640612.1	LOC119369120	RLK-Pelle_DLSV	-0,455548	n.s	0,836601	n.s
XP_037496541.1	XM_037640613.1	LOC119371095	RLK-Pelle_DLSV	4,61501	n.s	3,97594	n.s
XP_037496544.1	XM_037640616.1	LOC105649399	RLK-Pelle_DLSV	-0,560354	n.s	0,120752	n.s

XP_037496545.1	XM_037640617.1	LOC105650113	RLK-Pelle_DLSV	-2,48875	DR	-0,211494	n.s
XP_037496577.1	XM_037640649.1	LOC119371100	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-2,28041	DR	-0,290147	n.s
XP_037496613.1	XM_037640685.1	LOC105629420	RLK-Pelle_WAK	-1,57977	n.s	1,03995	n.s
XP_037496617.1	XM_037640689.1	LOC105629429	RLK-Pelle_WAK	-0,197079	n.s	-0,717503	n.s
XP_037496618.1	XM_037640690.1	LOC105629428	RLK-Pelle_WAK	0,497855	n.s	3,14975	n.s
XP_037496626.1	XM_037640698.1	LOC105629355	TLK	-3,37344	DR	-0,0224998	n.s
XP_037496633.1	XM_037640705.1	LOC119371127	RLK-Pelle_WAK	0,0424049	n.s	2,36142	n.s
XP_037496747.1	XM_037640819.1	LOC105646527	RLK-Pelle_L-LEC	1,54277	UR	1,76058	UR
XP_037496764.1	XM_037640836.1	LOC105636303	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	-0,0720512	n.s	0,246969	n.s
XP_037496842.1	XM_037640914.1	LOC105629675	CMGC_GSK	0,791835	n.s	-0,26776	n.s
XP_037496927.1	XM_037640999.1	LOC105632420	RLK-Pelle_SD-2b	-2,21923	DR	-0,202991	n.s
XP_037496967.1	XM_037641039.1	LOC105650432	TKL-PI-5	-1,5022	n.s	-1,66811	n.s
XP_037496979.1	XM_037641051.1	LOC105639479	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	-3,72947	DR	-0,557315	n.s
XP_037496990.1	XM_037641062.1	LOC105639413	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	-5,69603	DR	-1,43453	n.s
XP_037497078.1	XM_037641150.1	LOC119371295	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-2,6729	DR	2,04429	UR
XP_037497114.1	XM_037641186.1	LOC105644181	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-inf	no	1,42225	n.s
XP_037497115.1	XM_037641187.1	LOC105644183	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-1,42039	DR	-0,0140049	n.s
XP_037497120.1	XM_037641192.1	LOC119371307	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-1,79244	DR	1,06903	n.s
XP_037497122.1	XM_037641194.1	LOC105646735	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-1,1845	DR	-0,403277	n.s
XP_037497130.1	XM_037641202.1	LOC119369084	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-3,87357	DR	-1,06427	n.s
XP_037497131.1	XM_037641203.1	LOC105643762	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	-0,993673	n.s	1,10749	n.s
XP_037497155.1	XM_037641227.1	LOC105633265	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-0,872721	n.s	0,372973	n.s
XP_037497338.1	XM_037641410.1	LOC119371391	RLK-Pelle_RLCK-VIIa-2	0,0781433	n.s	0,753646	n.s
XP_037497391.1	XM_037641463.1	LOC119371416	RLK-Pelle_LRK10L-2	-1,5212	DR	1,41765	n.s
XP_037497418.1	XM_037641490.1	LOC105633419	RLK-Pelle_LRR-XII-1	2,06272	n.s	1,03439	n.s
XP_037497419.1	XM_037641491.1	LOC105633352	RLK-Pelle_RKF3	-2,49442	DR	-0,16551	n.s
XP_037497539.1	XM_037641611.1	LOC119371447	RLK-Pelle_SD-2b	4,78597	n.s	1,26293	n.s
XP_037497540.1	XM_037641612.1	LOC105647185	RLK-Pelle_SD-2b	0,330129	n.s	0,0242586	n.s
XP_037497557.1	XM_037641629.1	LOC119371458	RLK-Pelle_DLSV	-0,388983	n.s	0,599623	n.s
XP_037497558.1	XM_037641630.1	LOC105650568	RLK-Pelle_DLSV	-0,750054	n.s	0	n.s
XP_037497583.1	XM_037641655.1	LOC119369126	RLK-Pelle_DLSV	-2,11074	DR	0,848978	n.s

XP_037497629.1	XM_037641701.1	LOC105647675	NEK	-2,48335	DR	-0,951969	n.s
XP_037497776.1	XM_037641848.1	LOC105644483	RLK-Pelle_SD-2b	-inf	no	-0,506415	n.s
XP_037497862.1	XM_037641934.1	LOC105639438	RLK-Pelle_LRR-VI-2	-1,07388	DR	-0,185936	n.s
XP_037497953.1	XM_037642025.1	LOC105645151	RLK-Pelle_SD-2b	inf	no	1,92443	n.s
XP_037497963.1	XM_037642035.1	LOC105645155	RLK-Pelle_SD-2b	0	n.s	0,355184	n.s

APÊNDICE F - Recurso online 6. Termos de Gene Ontology Enriquecidos (valor de $p \leq 0,01$) identificados nas respostas de Jc171 e Jc183, com base apenas nos respectivos DEGs (UR ou DR) de cada perfil.

GO ID	Termo	Contagem (gene)	p-value	Categoria
GO:0005488	binding	218	3.7e-22	MF
GO:0016740	transferase activity	217	1,00E-30	MF
GO:0003824	catalytic activity	217	1,00E-30	MF
GO:0004672	protein kinase activity	216	1,00E-30	MF
GO:0016773	phosphotransferase activity, alcohol group as acceptor	216	1,00E-30	MF
GO:0016301	kinase activity	216	1,00E-30	MF
GO:0016772	transferase activity, transferring phosphorus-containing groups	216	1,00E-30	MF
GO:0006468	protein phosphorylation	215	1,00E-30	PB
GO:0016310	phosphorylation	215	1,00E-30	PB
GO:0006464	cellular protein modification process	215	1,00E-30	PB
GO:0036211	protein modification process	215	1,00E-30	PB
GO:0006796	phosphate-containing compound metabolic process	215	1,00E-30	PB
GO:0006793	phosphorus metabolic process	215	1,00E-30	PB
GO:0043412	macromolecule modification	215	1,00E-30	PB
GO:0044267	cellular protein metabolic process	215	1,00E-30	PB
GO:0019538	protein metabolic process	215	1,00E-30	PB
GO:0044260	cellular macromolecule metabolic process	215	1,00E-30	PB
GO:0043170	macromolecule metabolic process	215	1,00E-30	PB
GO:0044237	cellular metabolic process	215	1,00E-30	PB
GO:0044238	primary metabolic process	215	1,00E-30	PB
GO:0071704	organic substance metabolic process	215	1,00E-30	PB
GO:0009987	cellular process	215	5,00E-27	PB
GO:0008152	metabolic process	215	1.3e-20	PB
GO:0005524	ATP binding	215	1,00E-30	MF
GO:0032559	adenyl ribonucleotide binding	215	1,00E-30	MF
GO:0030554	adenyl nucleotide binding	215	1,00E-30	MF
GO:0035639	purine ribonucleoside triphosphate binding	215	1,00E-30	MF
GO:0001883	purine nucleoside binding	215	1,00E-30	MF
GO:0032550	purine ribonucleoside binding	215	1,00E-30	MF
GO:0032555	purine ribonucleotide binding	215	1,00E-30	MF
GO:0032549	ribonucleoside binding	215	1,00E-30	MF
GO:0001882	nucleoside binding	215	1,00E-30	MF
GO:0017076	purine nucleotide binding	215	1,00E-30	MF
GO:0032553	ribonucleotide binding	215	1,00E-30	MF
GO:0097367	carbohydrate derivative binding	215	1,00E-30	MF
GO:0043168	anion binding	215	1,00E-30	MF
GO:0000166	nucleotide binding	215	1,00E-30	MF
GO:1901265	nucleoside phosphate binding	215	1,00E-30	MF
GO:0036094	small molecule binding	215	1,00E-30	MF
GO:0043167	ion binding	215	1,00E-30	MF
GO:1901363	heterocyclic compound binding	215	1,00E-30	MF
GO:0097159	organic cyclic compound binding	215	1,00E-30	MF
GO:0016020	membrane	153	1,00E-30	CC

GO:0044425	membrane part	132	3.5e-26	CC
GO:0031224	intrinsic component of membrane	130	4.2e-27	CC
GO:0016021	integral component of membrane	129	1.00E-26	CC
GO:0004674	protein serine/threonine kinase activity	127	1.00E-30	MF
GO:0005515	protein binding	85	1.4e-10	MF
GO:0005886	plasma membrane	64	1.2e-21	CC
GO:0071944	cell periphery	64	6.3e-16	CC
GO:0007154	cell communication	31	4.1e-07	PB
GO:0051704	multi-organism process	28	4.1e-06	PB
GO:0022414	reproductive process	24	0.00372	PB
GO:1901700	response to oxygen-containing compound	21	0.00462	PB
GO:0007165	signal transduction	20	0.00082	PB
GO:0044700	single organism signaling	20	0.00088	PB
GO:0023052	signaling	20	9.00E-04	PB
GO:0070887	cellular response to chemical stimulus	16	0.00036	PB
GO:0009856	pollination	15	1.2e-07	PB
GO:0044706	multi-multicellular organism process	15	1.2e-07	PB
GO:0044703	multi-organism reproductive process	15	2.6e-06	PB
GO:0071310	cellular response to organic substance	15	0.00017	PB
GO:0046777	protein autophosphorylation	14	2.9e-13	PB
GO:1901701	cellular response to oxygen-containing compound	14	6.9e-06	PB
GO:0097305	response to alcohol	14	0.00032	PB
GO:0033993	response to lipid	14	0.00096	PB
GO:0009506	plasmodesma	14	0.0077	CC
GO:0055044	symplast	14	0.0077	CC
GO:0005911	cell-cell junction	14	0.0079	CC
GO:0030054	cell junction	14	0.0079	CC
GO:0071495	cellular response to endogenous stimulus	13	0.00018	PB
GO:0032870	cellular response to hormone stimulus	12	0.00057	PB
GO:0040007	growth	12	0.00311	PB
GO:0048544	recognition of pollen	11	1.2e-08	PB
GO:0008037	cell recognition	11	1.6e-08	PB
GO:0009875	pollen-pistil interaction	11	2.1e-08	PB
GO:0097306	cellular response to alcohol	11	1.5e-07	PB
GO:0071396	cellular response to lipid	11	1.1e-06	PB
GO:0014070	response to organic cyclic compound	11	9.5e-05	PB
GO:0009755	hormone-mediated signaling pathway	11	0.00065	PB
GO:0048589	developmental growth	10	0.00345	PB
GO:0030246	carbohydrate binding	9	0.00054	MF
GO:0004871	signal transducer activity	8	5.9e-06	MF
GO:0060089	molecular transducer activity	8	1.2e-05	MF
GO:0009741	response to brassinosteroid	7	2.00E-06	PB
GO:0071407	cellular response to organic cyclic compound	7	0.00025	PB
GO:0040008	regulation of growth	7	0.00037	PB
GO:0009826	unidimensional cell growth	7	0.00703	PB
GO:0009738	abscisic acid-activated signaling pathway	6	0.00029	PB
GO:0071215	cellular response to abscisic acid stimulus	6	0.00083	PB
GO:0031347	regulation of defense response	6	0.00651	PB

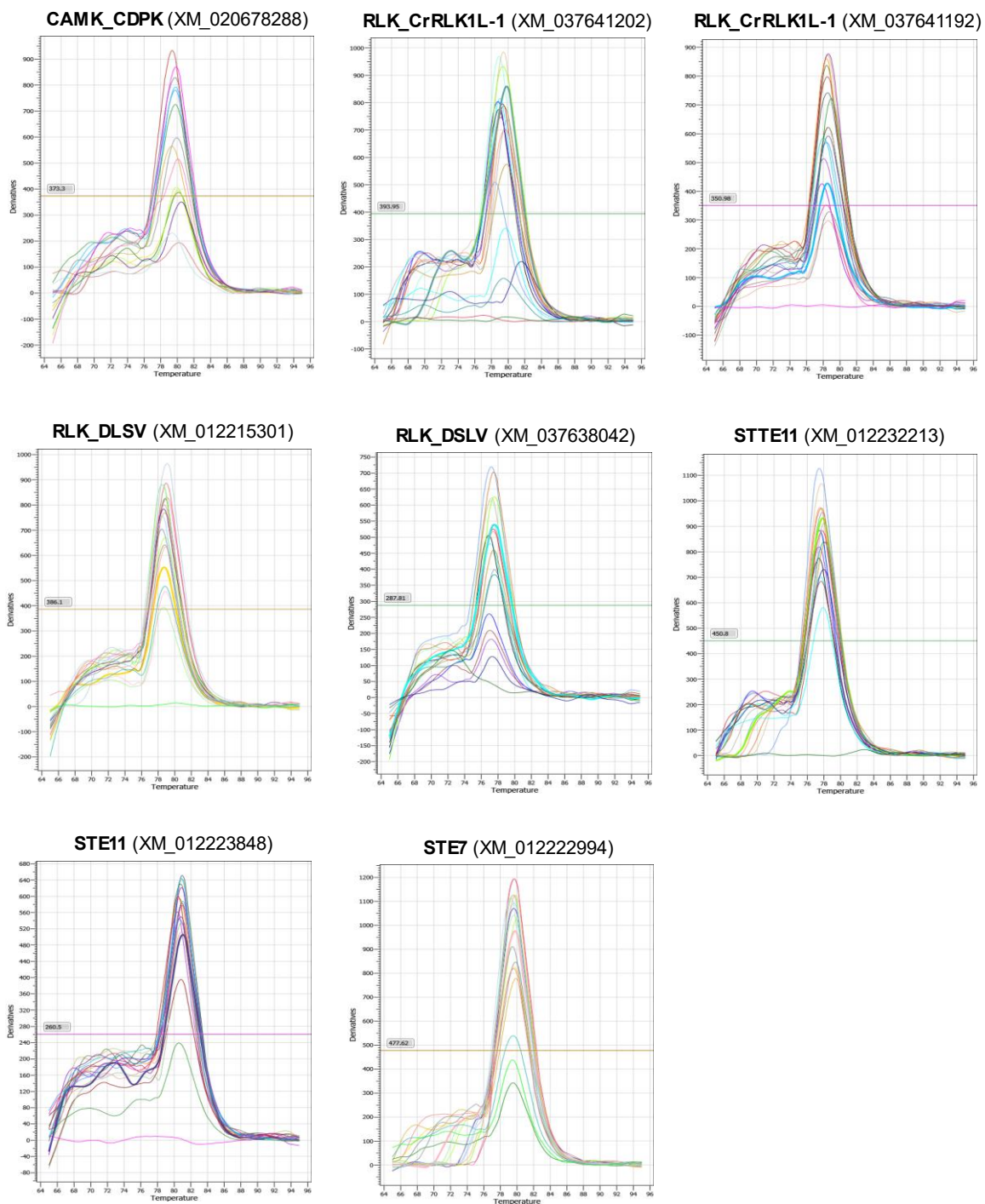
GO:0038023	signaling receptor activity	6	7.5e-06	MF
GO:0004872	receptor activity	6	2.2e-05	MF
GO:0009742	brassinosteroid mediated signaling pathway	5	6.6e-06	PB
GO:0043401	steroid hormone mediated signaling pathway	5	6.6e-06	PB
GO:0071383	cellular response to steroid hormone stimulus	5	6.6e-06	PB
GO:0048545	response to steroid hormone	5	8.6e-06	PB
GO:0071367	cellular response to brassinosteroid stimulus	5	1.1e-05	PB
GO:0022603	regulation of anatomical structure morphogenesis	5	0.00138	PB
GO:0048638	regulation of developmental growth	5	0.00276	PB
GO:0004888	transmembrane signaling receptor activity	4	0.00011	MF
GO:0001871	pattern binding	4	0.00524	MF
GO:0030247	polysaccharide binding	4	0.00524	MF
GO:0001944	vasculature development	3	0.00054	PB
GO:0072358	cardiovascular system development	3	0.00054	PB
GO:0072359	circulatory system development	3	0.00054	PB
GO:0002229	defense response to oomycetes	3	0.00188	PB
GO:0002239	response to oomycetes	3	0.00221	PB
GO:0010075	regulation of meristem growth	3	0.00906	PB
GO:0019199	transmembrane receptor protein kinase activity	3	4.6e-06	MF
GO:0001653	peptide receptor activity	3	1.1e-05	MF
GO:0033612	receptor serine/threonine kinase binding	3	0.00018	MF
GO:0005102	receptor binding	3	0.00059	MF
GO:0004713	protein tyrosine kinase activity	3	0.00116	MF
GO:0010359	regulation of anion channel activity	2	0.00656	PB
GO:0009593	detection of chemical stimulus	2	0.00812	PB
GO:0022898	regulation of transmembrane transporter activity	2	0.00812	PB
GO:0032409	regulation of transporter activity	2	0.00812	PB
GO:0032412	regulation of ion transmembrane transporter activity	2	0.00812	PB
GO:0004675	transmembrane receptor protein serine/threonine kinase activity	2	0.00011	MF

APÊNDICE G - Recurso online 7. Pares de iniciadores propostos usados nos ensaios de validação por qPC.

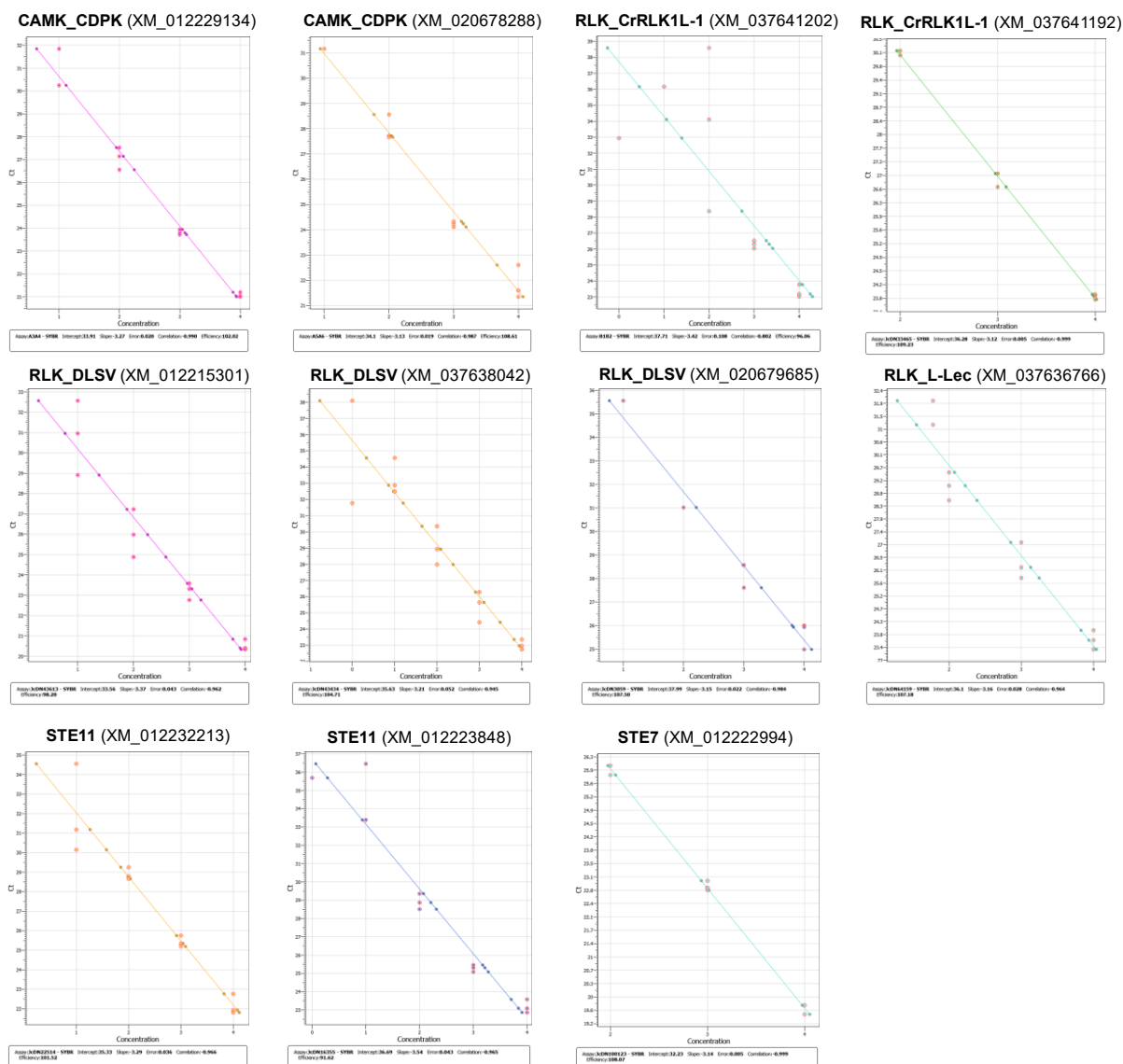
Transcrito	Gropo_Familia	Product Size	Product Tm	Primer Left	Tm	%GC	Primer Right	Tm	%GC
XM_012229134.3	CAMK_CDPK	133	83,6775	CCACATGAACTGGTACTGAGGG	60,36	54,55	GAAGGAATGGATTGTTGGGAGC	59,57	50
XM_020678288.1	CAMK_CDPK	95	80,7016	CTTCAGGAGCAACATAAGCAGG	59,32	50	AATCAAACCTTGCCGACTTTGGG	59,96	45,45
XM_037641202.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	116	82,3733	TGCATGTTTCCTGTCTCAGTGG	60,81	50	GTGTAATCATTTCGAGTGACGG	59,97	50
XM_037641192.1	RLK-Pelle_CrRLK1L-1	122	81,689	CAAACAATGATCCTCTTCCGTGG	59,87	47,83	AGTTGTCTTCACGTCTCGATGG	60,35	50
XM_012215301.3	RLK-Pelle_DLSV	133	80,5948	TTGTCCATCTTTCAACGTTCCC	59,12	45,45	GGAGGAGGAGCTAGAATTACCG	59,44	54,55
XM_037638042.1	RLK-Pelle_DLSV	92	79,3182	CTGCTTCATATTCATCTGGGCC	59,18	50	TTACCTTCTCAAACGAGCATGG	58,67	45,45
XM_020679685.2	RLK-Pelle_DLSV	104	80,0364	ACTACTTGAGATTGTGAGCAGC	58,41	45,45	CTTCTTTCCATAGCTCCCATGC	59,12	50
XM_037636766.1	RLK-Pelle_L-LEC	137	81,4376	CTCTAGAGCCAGAAAGACCACC	59,83	54,55	AACCAATTCCATTTCTCCACC	58,83	45,45
XM_012232213.3	STE_STE11	101	80,3803	TCCTTTCCTTGCTCCGATAACC	60,09	50	CCGTGGGTTAATGTGAATGACG	59,9	50
XM_012223848.3	STE_STE11	130	82,7672	TTCTTTCCTTGCAATTCCACGCC	60,29	45,45	AACTCCTCTGTATATGTCGCCG	59,71	50
XM_012222994.3	STE_STE7	117	81,55,35	ATAGCACACATCAAGGTAGCCC	60,16	59,06	TGGTTACGCTGCTGATATTTGG	59,06	45,45

CDPK (*Calcium-Dependent Protein Kinase*); CrRLK1L-1 (*Catharanthus roseus* RLK1-like); DLSV (*Kinases with the Domain of Unknown Function 26 - DUF26*); L-LEC (*L-Lectin*); STE (*Homologs of the yeast STE genes*)

APÊNDICE H - Recurso online 8. *Amplicons* com as amostras de cDNAs



APÊNDICE I - Recurso online 9. Valores para inclinação (S), coeficiente de correlação (R) e eficiência de amplificação (E).



8.2 Artigo 2

APÊNDICE A - Tabela suplementar 1. Identificação e classificação das prováveis LRRs presentes no quinoma de *J. curcas*.

Em virtude do tamanho extenso, a referida tabela se encontra disponível no link abaixo:

https://docs.google.com/spreadsheets/d/1EiYcUn3ib9ebT14mNXMGdOwrNMXQ_zV/edit?usp=sharing&oid=114097534780432095512&rtpof=true&sd=true

APÊNDICE B - Tabela suplementar 2. Caracterização físico-química e análises de localização subcelular das prováveis LRRs de *J. curcas*.

Gene ID	Proteína ID	Família LRR	Localização subcelular	Comprimento	pI	MW
LOC105647130	XP_020540144.1	LRR-I-1	Chloroplast	474	7,94	47603,98
LOC105644628	XP_012085434.1	LRR-II	Chloroplast	626	6,46	66363,39
LOC105637991	XP_012077079.1	LRR-III	Chloroplast	646	6,19	68028,76
LOC105642343	XP_012082544.1	LRR-III	Chloroplast	675	8,16	70906,27
LOC105643708	XP_012084291.1	LRR-III	Chloroplast	649	9,36	69364,93
LOC105644791	XP_012085656.1	LRR-III	Chloroplast	713	6,56	77835,91
LOC105646733	XP_012088046.1	LRR-III	Chloroplast	655	5,97	65083,05
LOC105648373	XP_037495355.1	LRR-III	Chloroplast	632	8,05	66381,5
LOC105649173	XP_012091138.1	LRR-VII-1	Chloroplast	960	6,04	100637,6
LOC105629750	XP_037493783.1	LRR-XI-1	Chloroplast	299	8,38	32626,39
LOC105633570	XP_012071584.1	LRR-II	Cytoplasmic	641	6,34	67607,63
LOC105636526	XP_012075205.1	LRR-II	Cytoplasmic	624	5,02	66324,66
LOC105647220	XP_012088621.2	LRR-II	Cytoplasmic	623	5,75	69620,91
LOC105648035	XP_012089681.1	LRR-II	Cytoplasmic	624	5,20	66203,65
LOC105636526	XP_020535939.1	LRR-II	Cytoplasmic	599	4,90	63522,58
LOC105647220	XP_020540214.2	LRR-II	Cytoplasmic	566	5,77	63119,24
LOC105647220	XP_020540215.2	LRR-II	Cytoplasmic	505	5,83	56861
LOC105641724	XP_037491742.1	LRR-II	Cytoplasmic	358	5,46	41208,06
LOC105647220	XP_037492672.1	LRR-II	Cytoplasmic	594	5,67	66346,67
LOC105648645	XP_012090493.1	LRR-III	Cytoplasmic	358	6,13	37793,08
LOC105645821	XP_012086926.1	LRR-VI-2	Cytoplasmic	670	5,43	73514,28
LOC105639438	XP_037497862.1	LRR-VI-2	Cytoplasmic	677	5,08	71866,3
LOC105643854	XP_012084469.1	LRR-Xa	Cytoplasmic	621	6,94	65171,8
LOC105643854	XP_012084473.1	LRR-Xa	Cytoplasmic	621	6,94	65171,8
LOC105643854	XP_020538903.1	LRR-Xa	Cytoplasmic	621	6,94	65171,8
LOC105636991	XP_012075783.1	LRR-XII-1	Cytoplasmic	156	-	-
LOC105636991	XP_020536100.1	LRR-XII-1	Cytoplasmic	156	-	-
LOC105645406	XP_037491702.1	LRR-XII-1	Cytoplasmic	216	4,94	24081,54
LOC105633422	XP_037496475.1	LRR-XII-1	Cytoplasmic	301	6,15	33706,65
LOC105640723	XP_012080508.1	LRR-II	Extracellular	621	7,81	66114,74
LOC105642059	XP_012082132.1	LRR-III	Extracellular	675	8,29	71116,66
LOC105643130	XP_012083586.1	LRR-IV	Extracellular	673	7,41	71224,58
LOC105639116	XP_020536968.1	LRR-IX	Extracellular	917	6,14	97263,01
LOC105649039	XP_012090953.1	LRR-VIII-1	Extracellular	964	5,84	102716
LOC105649039	XP_020540891.1	LRR-VIII-1	Extracellular	890	6,24	91438,74
LOC105641923	XP_012081968.1	LRR-Xb-1	Extracellular	1018	5,84	109995,6
LOC105629059	XP_012065964.2	LRR-XI-1	Extracellular	1296	5,40	136179,5
LOC105639912	XP_012079496.1	LRR-XI-1	Extracellular	1013	6,03	108306,9
LOC105648871	XP_012090763.1	LRR-XI-1	Extracellular	946	6,65	101490,8
LOC105650142	XP_020541127.1	LRR-XI-1	Extracellular	992	5,14	106815,1
LOC105649101	XP_037494677.1	LRR-XII-1	Extracellular	996	8,34	104790,5
LOC105645608	XP_012086644.1	LRR-III	Mitochondrial	754	8,16	74368,96

LOC119370905	XP_037495919.1	LRR-Xb-1	Mitochondrial	204	9,65	23212,54
LOC105640279	XP_012079944.1	LRR-XI-2	Mitochondrial	639	9,50	68067,34
LOC105647309	XP_012088723.1	LRR-XI-2	Mitochondrial	400	8,90	41077,38
LOC105631208	XP_012068631.1	LRR-III	Nuclear	598	6,58	65086,61
LOC105636927	XP_012075725.1	LRR-III	Nuclear	715	6,08	76152,72
LOC105641406	XP_012081326.1	LRR-III	Nuclear	671	8,78	69547,92
LOC105644425	XP_012085161.1	LRR-III	Nuclear	684	5,99	74809,84
LOC105646128	XP_012087298.1	LRR-III	Nuclear	639	7,34	67827,16
LOC105646030	XP_020539534.1	LRR-III	Nuclear	339	8,53	38200,63
LOC105643987	XP_037492265.1	LRR-III	Nuclear	573	5,86	61421,61
LOC105646030	XP_037495065.1	LRR-III	Nuclear	332	9,35	37474,84
LOC105631309	XP_012068778.1	LRR-V	Nuclear	714	5,93	77430,85
LOC105646982	XP_037495639.1	LRR-V	Nuclear	810	6,08	84176,32
LOC105639479	XP_037496979.1	LRR-VIII-1	Nuclear	796	8,67	87409,68
LOC105634182	XP_012072390.1	LRR-Xb-1	Nuclear	1133	5,84	120853,1
LOC105629215	XP_012066149.1	LRR-XI-1	Nuclear	1097	5,27	119310,5
LOC105630278	XP_012067452.1	LRR-XI-1	Nuclear	1105	5,42	120130,4
LOC105630772	XP_012068112.1	LRR-XI-1	Nuclear	974	5,66	105127,1
LOC105639909	XP_012079493.1	LRR-XI-1	Nuclear	986	5,92	106479,2
LOC105640113	XP_012079733.1	LRR-XI-1	Nuclear	971	6,25	108050,3
LOC105642166	XP_012082271.1	LRR-I-1	PlasmaMembrane	926	5,22	99339,36
LOC105644393	XP_012085105.1	LRR-I-1	PlasmaMembrane	903	5,61	97406,81
LOC105644731	XP_012085570.1	LRR-I-1	PlasmaMembrane	958	7,50	105164,4
LOC105644731	XP_012085571.1	LRR-I-1	PlasmaMembrane	933	7,52	102297,3
LOC105644731	XP_012085572.1	LRR-I-1	PlasmaMembrane	882	8,20	98954,2
LOC110008606	XP_020534031.2	LRR-I-1	PlasmaMembrane	1333	8,11	149110,4
LOC105640004	XP_020537185.1	LRR-I-1	PlasmaMembrane	934	6,28	100920,2
LOC105631518	XP_037495445.1	LRR-I-1	PlasmaMembrane	928	5,97	99555,28
LOC105646778	XP_012088101.1	LRR-I-2	PlasmaMembrane	419	8,15	46874,14
LOC105646778	XP_020540047.1	LRR-I-2	PlasmaMembrane	419	8,15	46874,14
LOC105631934	XP_012069554.1	LRR-II	PlasmaMembrane	715	5,74	72591,17
LOC105640356	XP_012080070.1	LRR-II	PlasmaMembrane	611	5,52	64986,88
LOC105646793	XP_012088120.1	LRR-II	PlasmaMembrane	624	6,81	66110,84
LOC105649688	XP_012091804.1	LRR-II	PlasmaMembrane	609	6,51	65286,14
LOC105649688	XP_012091805.1	LRR-II	PlasmaMembrane	609	6,51	65286,14
LOC105649688	XP_020541006.1	LRR-II	PlasmaMembrane	513	7,58	54575,47
LOC105640356	XP_037494731.1	LRR-II	PlasmaMembrane	588	5,71	65146,21
LOC105629318	XP_012066279.1	LRR-III	PlasmaMembrane	1010	6,23	108099,2
LOC105630920	XP_012068302.1	LRR-III	PlasmaMembrane	657	6,37	69943,46
LOC105631670	XP_012069235.1	LRR-III	PlasmaMembrane	702	6,96	73360,72
LOC105633286	XP_012071247.1	LRR-III	PlasmaMembrane	484	4,83	51830,58
LOC105634309	XP_012072534.1	LRR-III	PlasmaMembrane	350	8,52	39289,66
LOC105634738	XP_012073038.1	LRR-III	PlasmaMembrane	654	6,98	68618,87
LOC105636524	XP_012075199.1	LRR-III	PlasmaMembrane	1063	6,54	113909,8
LOC105636846	XP_012075610.1	LRR-III	PlasmaMembrane	1061	6,07	113250,9
LOC105637000	XP_012075793.1	LRR-III	PlasmaMembrane	776	6,69	84552,48

LOC105638143	XP_012077281.1	LRR-III	PlasmaMembrane	657	8,67	70224,04
LOC105638309	XP_012077494.2	LRR-III	PlasmaMembrane	639	6,97	68052,29
LOC105638647	XP_012077868.1	LRR-III	PlasmaMembrane	634	8,82	67189,66
LOC105638647	XP_012077878.1	LRR-III	PlasmaMembrane	634	8,82	67189,66
LOC105638647	XP_012077889.1	LRR-III	PlasmaMembrane	634	8,82	67189,66
LOC105639294	XP_012078693.1	LRR-III	PlasmaMembrane	652	8,01	68196,42
LOC105639755	XP_012079291.1	LRR-III	PlasmaMembrane	662	7,55	70239,48
LOC105639769	XP_012079309.1	LRR-III	PlasmaMembrane	765	6,79	80872,57
LOC105640414	XP_012080105.1	LRR-III	PlasmaMembrane	625	5,98	66556,48
LOC105645425	XP_012086419.1	LRR-III	PlasmaMembrane	647	6,13	67440,83
LOC105645711	XP_012086772.1	LRR-III	PlasmaMembrane	627	6,35	66878,67
LOC105648089	XP_012089771.1	LRR-III	PlasmaMembrane	822	8,30	85773,94
LOC105649082	XP_012091018.1	LRR-III	PlasmaMembrane	657	8,26	69286,24
LOC105649082	XP_012091019.1	LRR-III	PlasmaMembrane	657	8,26	69286,24
LOC105649154	XP_012091110.1	LRR-III	PlasmaMembrane	632	6,38	65808,05
LOC105649154	XP_012091111.1	LRR-III	PlasmaMembrane	632	6,38	65808,05
LOC105629318	XP_020533125.1	LRR-III	PlasmaMembrane	828	6,33	88229,79
LOC105638647	XP_020536838.1	LRR-III	PlasmaMembrane	634	8,82	67189,66
LOC105643037	XP_020538338.1	LRR-III	PlasmaMembrane	618	5,36	66149,75
LOC105649154	XP_020540942.1	LRR-III	PlasmaMembrane	651	7,23	70997,66
LOC105649154	XP_020540943.1	LRR-III	PlasmaMembrane	651	7,23	70997,66
LOC105638647	XP_037497235.1	LRR-III	PlasmaMembrane	634	8,82	67189,66
LOC105645957	XP_012087100.1	LRR-IV	PlasmaMembrane	682	7,35	71705,03
LOC105648583	XP_012090406.1	LRR-IV	PlasmaMembrane	679	7,62	74367,84
LOC105634159	XP_012072359.1	LRR-IX	PlasmaMembrane	942	5,61	98732,55
LOC105635815	XP_012074324.1	LRR-IX	PlasmaMembrane	967	5,50	102104,2
LOC105644947	XP_012085845.1	LRR-IX	PlasmaMembrane	882	7,30	95467,66
LOC105645453	XP_012086448.1	LRR-IX	PlasmaMembrane	951	5,79	100026,4
LOC105647945	XP_012089559.1	LRR-IX	PlasmaMembrane	957	6,23	101630,4
LOC105646544	XP_012087800.1	LRR-V	PlasmaMembrane	715	5,78	75878,89
LOC105649294	XP_012091293.1	LRR-V	PlasmaMembrane	721	5,93	74137,53
LOC105649294	XP_012091294.1	LRR-V	PlasmaMembrane	713	5,79	73245,64
LOC105649489	XP_012091538.1	LRR-V	PlasmaMembrane	727	6,33	77263,88
LOC105649489	XP_012091539.1	LRR-V	PlasmaMembrane	703	6,43	74749,48
LOC105646544	XP_020539954.1	LRR-V	PlasmaMembrane	700	5,71	74250,1
LOC105649489	XP_037497594.1	LRR-V	PlasmaMembrane	727	6,33	77263,88
LOC105632588	XP_012070400.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	789	8,13	83817,88
LOC105632588	XP_012070401.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	789	8,13	83817,88
LOC105632735	XP_012070562.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	801	6,84	84595,59
LOC105632856	XP_012070706.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	770	6,49	84826,7
LOC105632856	XP_012070714.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	770	6,49	84826,7
LOC105640219	XP_012079866.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	762	6,49	81814,51
LOC105640219	XP_012079867.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	762	6,49	81814,51
LOC105649763	XP_012091924.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	742	9,27	78569,15
LOC105632588	XP_020534355.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	789	8,13	83817,88
LOC105649763	XP_020541113.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	743	9,27	78640,22

LOC105649763	XP_020541114.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	738	9,27	78042,66
LOC105649763	XP_020541115.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	737	9,27	77971,59
LOC105632588	XP_037491433.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	789	8,13	83817,88
LOC105632588	XP_037491434.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	789	8,13	83817,88
LOC105632735	XP_037495667.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	722	7,33	75891,8
LOC105640219	XP_037496532.1	LRR-VI-1	PlasmaMembrane	781	6,49	81814,51
LOC105645836	XP_012086941.1	LRR-VI-2	PlasmaMembrane	688	5,87	73835,46
LOC105645836	XP_012086942.1	LRR-VI-2	PlasmaMembrane	661	5,65	70956,43
LOC105649676	XP_012091787.1	LRR-VI-2	PlasmaMembrane	698	5,32	74799,72
LOC105634348	XP_012072583.1	LRR-VII-1	PlasmaMembrane	1001	5,79	107534,4
LOC105645929	XP_012087063.1	LRR-VII-1	PlasmaMembrane	884	5,00	93203,09
LOC105649103	XP_020540903.1	LRR-VII-1	PlasmaMembrane	973	5,38	102451,7
LOC105633507	XP_012071498.1	LRR-VII-2	PlasmaMembrane	854	5,91	94365,52
LOC105633884	XP_012071977.1	LRR-VII-3	PlasmaMembrane	1135	7,45	122957,3
LOC105638632	XP_012077849.1	LRR-VIII-1	PlasmaMembrane	968	5,53	102546,2
LOC105649076	XP_012091010.1	LRR-VIII-1	PlasmaMembrane	1009	6,49	104150,9
LOC105649076	XP_012091011.1	LRR-VIII-1	PlasmaMembrane	966	6,49	104150,9
LOC105639413	XP_037496990.1	LRR-VIII-1	PlasmaMembrane	833	7,69	88368,54
LOC105642349	XP_012082558.1	LRR-Xa	PlasmaMembrane	598	5,72	63090,02
LOC105649813	XP_012091998.1	LRR-Xa	PlasmaMembrane	601	5,68	63787,99
LOC105638622	XP_037495903.1	LRR-Xa	PlasmaMembrane	496	8,08	53006,52
LOC105638626	XP_037495906.1	LRR-Xa	PlasmaMembrane	516	9,07	57770,44
LOC105638623	XP_037495910.1	LRR-Xa	PlasmaMembrane	593	8,40	64275,78
LOC105638623	XP_037495911.1	LRR-Xa	PlasmaMembrane	593	8,40	64275,78
LOC105638617	XP_037495920.1	LRR-Xa	PlasmaMembrane	616	5,63	67191,34
LOC105631297	XP_012068764.1	LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1086	5,90	113509,7
LOC105636620	XP_012075333.1	LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	376	5,39	38987,85
LOC105637629	XP_012076552.2	LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1045	6,98	111657,3
LOC105641848	XP_012081858.1	LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1205	5,81	127825,9
LOC105648494	XP_012090287.1	LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1272	5,40	135993,6
LOC110011048	XP_020541063.1	LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	333	7,99	32810,75
LOC105645846	XP_037493569.1	LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1083	5,17	113997,3
LOC119371100	XP_037496577.1	LRR-Xb-1	PlasmaMembrane	1228	6,06	131547,5
LOC105640580	XP_012080323.1	LRR-Xb-2	PlasmaMembrane	1103	7,37	118265,8
LOC105629144	XP_012066065.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1083	5,89	116957,2
LOC105630049	XP_012067127.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	983	5,49	105178,8
LOC105630604	XP_012067859.2	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1037	5,41	110722,6
LOC105630604	XP_012067861.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1044	4,98	111561,7
LOC105630604	XP_012067862.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1036	4,98	110753
LOC105630977	XP_012068364.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1043	5,89	115469,4
LOC105632926	XP_012070784.2	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	981	5,70	105067,3
LOC105633464	XP_012071442.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	956	8,39	102225,4
LOC105634727	XP_012073020.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	889	6,25	93180,42
LOC105635320	XP_012073772.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	977	6,12	104938,1
LOC105635991	XP_012074538.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1036	5,68	105957
LOC105638229	XP_012077398.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1026	6,27	110623,7

LOC105638470	XP_012077671.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1153	4,76	120046,6
LOC105638476	XP_012077675.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1103	5,22	118204,1
LOC105638491	XP_012077690.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1021	5,53	109474,8
LOC105639133	XP_012078477.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1106	5,60	116367,4
LOC105644430	XP_012085166.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1140	4,79	120241,8
LOC105644470	XP_012085218.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1018	6,24	108316,6
LOC105644495	XP_012085259.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1224	4,89	131271,6
LOC105645128	XP_012086037.2	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1079	5,72	114919
LOC105645221	XP_012086152.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	888	5,97	94241,12
LOC105645772	XP_012086888.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1125	5,71	122495,2
LOC105646884	XP_012088210.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	987	6,32	107384,3
LOC105647766	XP_012089379.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1016	5,92	111597,8
LOC105648625	XP_012090461.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1025	6,65	113353,8
LOC105638490	XP_020536689.2	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	744	6,07	82337,35
LOC110008682	XP_020536695.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	302	8,30	33375,07
LOC105639224	XP_020537010.2	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	866	8,88	96228,98
LOC105638486	XP_037491308.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1126	8,16	118224,5
LOC105640339	XP_037493098.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1113	5,73	118620,7
LOC105640339	XP_037493099.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1113	5,73	118620,7
LOC105630773	XP_037493523.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	956	7,40	103336,7
LOC105630773	XP_037493524.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	956	7,40	103336,7
LOC105629663	XP_037493744.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	876	9,94	96416,67
LOC105637282	XP_037496027.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1146	7,24	123315,1
LOC105633265	XP_037497155.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	979	5,57	104300,2
LOC105644495	XP_037497799.1	LRR-XI-1	PlasmaMembrane	1148	4,95	125835,4
LOC105630394	XP_012067584.2	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1001	6,92	107107,9
LOC105633614	XP_012071632.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	984	7,41	105518,8
LOC105633968	XP_012072076.2	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1165	6,63	124262,8
LOC105637387	XP_012076225.2	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1023	5,57	111752,2
LOC105646614	XP_012087887.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1048	5,90	111521,2
LOC105648881	XP_012090772.2	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1022	6,56	112788,4
LOC105649111	XP_012091060.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1063	8,91	116438,9
LOC105649422	XP_012091450.2	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1016	7,28	107658,2
LOC105633209	XP_020534559.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	609	5,73	68177,63
LOC105635050	XP_020535228.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1038	6,94	112169,3
LOC105638407	XP_020536681.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1022	8,31	110249,3
LOC105640130	XP_020537367.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	981	6,40	108616,4
LOC105647858	XP_020540233.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1033	7,03	112898,6
LOC105647858	XP_020540234.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	980	7,38	107244,9
LOC105649054	XP_020540421.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1014	6,06	107126,3
LOC105648881	XP_020540852.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	904	7,27	99284,66
LOC105649422	XP_020540926.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	853	6,86	89849,73
LOC105650935	XP_037491703.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	894	6,39	97643,39
LOC105637001	XP_037491775.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	894	7,27	98993,27
LOC105633572	XP_037492628.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	967	5,43	102865,7
LOC105630059	XP_037493393.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	742	8,00	83413,96

LOC105648914	XP_037494053.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	270	5,35	29976,61
LOC105649045	XP_037494129.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1024	7,13	108951,6
LOC105644760	XP_037494577.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	939	8,43	103007
LOC110008697	XP_037494616.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1054	9,01	111250,4
LOC105645117	XP_037494651.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	947	8,09	102573,2
LOC105645417	XP_037494656.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1020	7,91	109715
LOC105649413	XP_037494664.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	373	8,17	38767,79
LOC105649091	XP_037494676.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	877	7,86	91313,7
LOC105649084	XP_037494678.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	840	8,39	87348,72
LOC105649392	XP_037494682.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	808	6,29	88970,96
LOC105630394	XP_037494964.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	868	7,81	92403,3
LOC105646731	XP_037496247.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	937	7,54	103720,7
LOC110008685	XP_037497415.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	777	8,62	83274,73
LOC105633415	XP_037497416.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	1014	6,14	108417,2
LOC105633415	XP_037497417.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	973	6,25	103829,5
LOC105633419	XP_037497418.1	LRR-XII-1	PlasmaMembrane	867	6,84	94058,21
LOC105632440	XP_012070211.1	LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	353	6,65	39591,61
LOC105632440	XP_012070212.1	LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	353	6,65	39591,61
LOC105632653	XP_012070482.1	LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	596	5,16	62171,01
LOC105640486	XP_012080199.1	LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	602	5,88	63840,13
LOC105632440	XP_020534321.1	LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	289	8,56	32279,34
LOC105632653	XP_020534328.1	LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	596	5,16	62171,01
LOC105632440	XP_037495063.1	LRR-XIIIa	PlasmaMembrane	342	8,95	38037,29
LOC105638078	XP_012077188.1	LRR-XIIIb	PlasmaMembrane	986	5,96	105842,6
LOC105648565	XP_012090380.1	LRR-XIIIb	PlasmaMembrane	992	5,80	105734,5
LOC105632324	XP_012070070.1	LRR-XIV	PlasmaMembrane	902	7,71	95289,81
LOC105633796	XP_012071855.1	LRR-XIV	PlasmaMembrane	901	7,10	96396,63
LOC105630551	XP_012067787.1	LRR-XV	PlasmaMembrane	1077	8,87	115485
LOC105644164	XP_012084828.1	LRR-XV	PlasmaMembrane	1158	6,38	120204,6
LOC105642734	XP_037496185.1	LRR-XV	PlasmaMembrane	1127	5,78	117655,5
LOC105642734	XP_037496186.1	LRR-XV	PlasmaMembrane	1127	5,78	117655,5
LOC105642734	XP_037496187.1	LRR-XV	PlasmaMembrane	1127	5,78	117655,5
LOC105642734	XP_037496188.1	LRR-XV	PlasmaMembrane	1127	5,78	117655,5

APÊNDICE C - Tabela suplementar 3. Expressão de transcritos de LRR diferencialmente expressos nas acessões Jc171 (88 DEGs: 2 UR e 86 DR) e Jc183 (12 DEGs: 5 UR e 7 DR). O transcrito destacado em amarelo foi removido por estar presente em uma única biblioteca. Não significativo (n.s).

Proteína ID	RNA-Seq ID	Loci ID	Família quinase	Log2FC Jc171	Regulação Jc171	Log2FC Jc183	Regulação Jc183
XP_012065964.2	XM_012210574.3	LOC105629059	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,74415	DR	0,0959802	n.s
XP_012066065.1	XM_012210675.3	LOC105629144	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,08932	DR	-0,750389	n.s
XP_012067584.2	XM_012212194.3	LOC105630394	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-1,02946	DR	-1,63989	n.s
XP_012067787.1	XM_012212397.3	LOC105630551	RLK-Pelle_LRR-XV	-1,35059	DR	0,0263486	n.s
XP_012068764.1	XM_012213374.3	LOC105631297	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-1,76036	DR	-0,625556	n.s
XP_012068778.1	XM_012213388.3	LOC105631309	RLK-Pelle_LRR-V	-1,19031	DR	-0,588665	n.s
XP_012070070.1	XM_012214680.3	LOC105632324	RLK-Pelle_LRR-XIV	-1,5935	DR	-0,0258018	n.s
XP_012070784.2	XM_012215394.3	LOC105632926	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,52521	DR	1,19779	n.s
XP_012071442.1	XM_012216052.3	LOC105633464	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,234	DR	-0,437924	n.s
XP_012071498.1	XM_012216108.3	LOC105633507	RLK-Pelle_LRR-VII-2	-2,12046	DR	-0,18837	n.s
XP_012071584.1	XM_012216194.3	LOC105633570	RLK-Pelle_LRR-II	-1,19068	DR	-0,0521558	n.s
XP_012071855.1	XM_012216465.3	LOC105633796	RLK-Pelle_LRR-XIV	-1,96943	DR	0,892812	n.s
XP_012072359.1	XM_012216969.3	LOC105634159	RLK-Pelle_LRR-IX	-1,77904	DR	-0,608838	n.s
XP_012072390.1	XM_012217000.3	LOC105634182	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-3,18049	DR	-0,730967	n.s
XP_012072534.1	XM_012217144.3	LOC105634309	RLK-Pelle_LRR-III	1,48568	UR	-1,59758	n.s
XP_012072583.1	XM_012217193.3	LOC105634348	RLK-Pelle_LRR-VII-1	-3,18917	DR	-1,11863	DR
XP_012073020.1	XM_012217630.3	LOC105634727	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,19903	DR	-1,21186	DR
XP_012073038.1	XM_012217648.3	LOC105634738	RLK-Pelle_LRR-III	-2,10595	DR	-1,03763	DR
XP_012073772.1	XM_012218382.3	LOC105635320	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,14301	DR	-0,876562	n.s
XP_012074324.1	XM_012218934.3	LOC105635815	RLK-Pelle_LRR-IX	-3,23809	DR	-0,749032	n.s
XP_012075610.1	XM_012220220.3	LOC105636846	RLK-Pelle_LRR-III	-2,46108	DR	-1,15338	DR
XP_012075725.1	XM_012220335.3	LOC105636927	RLK-Pelle_LRR-III	-1,25542	DR	-0,36515	n.s
XP_012075793.1	XM_012220403.3	LOC105637000	RLK-Pelle_LRR-III	-2,4611	DR	-0,270195	n.s
XP_012076552.2	XM_012221162.3	LOC105637629	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-2,38689	DR	-0,69967	n.s
XP_012077188.1	XM_012221798.3	LOC105638078	RLK-Pelle_LRR-XIIb	-2,288	DR	-0,547486	n.s
XP_012077281.1	XM_012221891.3	LOC105638143	RLK-Pelle_LRR-III	-1,0884	DR	-0,156078	n.s

XP_012077675.1	XM_012222285.3	LOC105638476	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-1,93285	DR	-0,348189	n.s
XP_012077690.1	XM_012222300.3	LOC105638491	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-1,71568	DR	0,366863	n.s
XP_012077849.1	XM_012222459.3	LOC105638632	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	-2,9256	DR	-0,14573	n.s
XP_012078477.1	XM_012223087.3	LOC105639133	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,69465	DR	-1,62572	DR
XP_012079309.1	XM_012223919.3	LOC105639769	RLK-Pelle_LRR-III	-1,82718	DR	-0,291948	n.s
XP_012079493.1	XM_012224103.3	LOC105639909	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,25924	DR	-0,217431	n.s
XP_012079496.1	XM_012224106.3	LOC105639912	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,29814	DR	-0,711829	n.s
XP_012079733.1	XM_012224343.3	LOC105640113	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,6147	DR	0,143478	n.s
XP_012080199.1	XM_012224809.3	LOC105640486	RLK-Pelle_LRR-XIIIa	-1,55774	DR	-0,705629	n.s
XP_012080508.1	XM_012225118.3	LOC105640723	RLK-Pelle_LRR-II	-1,17539	DR	-0,102439	n.s
XP_012081326.1	XM_012225936.3	LOC105641406	RLK-Pelle_LRR-III	-1,60045	DR	0,095323	n.s
XP_012081858.1	XM_012226468.3	LOC105641848	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-2,55586	DR	-0,286981	n.s
XP_012081968.1	XM_012226578.3	LOC105641923	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-1,89894	DR	-1,06558	DR
XP_012082132.1	XM_012226742.3	LOC105642059	RLK-Pelle_LRR-III	-1,63571	DR	-0,881856	n.s
XP_012082271.1	XM_012226881.3	LOC105642166	RLK-Pelle_LRR-I-1	-2,58379	DR	-0,338804	n.s
XP_012082544.1	XM_012227154.3	LOC105642343	RLK-Pelle_LRR-III	-1,65799	DR	-0,791279	n.s
XP_012082558.1	XM_012227168.3	LOC105642349	RLK-Pelle_LRR-Xa	-1,23097	DR	-0,193644	n.s
XP_012083586.1	XM_012228196.3	LOC105643130	RLK-Pelle_LRR-IV	-1,52958	DR	-0,510013	n.s
XP_012084828.1	XM_012229438.3	LOC105644164	RLK-Pelle_LRR-XV	-1,81945	DR	-0,785652	n.s
XP_012085105.1	XM_012229715.3	LOC105644393	RLK-Pelle_LRR-I-1	-2,41012	DR	-0,0446836	n.s
XP_012085161.1	XM_012229771.3	LOC105644425	RLK-Pelle_LRR-III	-2,7014	DR	-0,773379	n.s
XP_012085218.1	XM_012229828.3	LOC105644470	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-1,86936	DR	-0,502057	n.s
XP_012085434.1	XM_012230044.3	LOC105644628	RLK-Pelle_LRR-II	-1,33853	DR	-0,355699	n.s
XP_012085656.1	XM_012230266.3	LOC105644791	RLK-Pelle_LRR-III	-1,46105	DR	-0,353577	n.s
XP_012085845.1	XM_012230455.3	LOC105644947	RLK-Pelle_LRR-IX	-1,72088	DR	-0,273956	n.s
XP_012086152.1	XM_012230762.3	LOC105645221	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,32812	DR	-0,56432	n.s
XP_012086419.1	XM_012231029.3	LOC105645425	RLK-Pelle_LRR-III	-1,38103	DR	-0,387432	n.s
XP_012086448.1	XM_012231058.3	LOC105645453	RLK-Pelle_LRR-IX	-1,81571	DR	-0,680119	n.s
XP_012086644.1	XM_012231254.3	LOC105645608	RLK-Pelle_LRR-III	-1,05529	DR	-0,392217	n.s
XP_012086772.1	XM_012231382.3	LOC105645711	RLK-Pelle_LRR-III	-1,17531	DR	-0,512364	n.s
XP_012086888.1	XM_012231498.3	LOC105645772	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-3,06112	DR	-0,213631	n.s

XP_012087100.1	XM_012231710.3	LOC105645957	RLK-Pelle_LRR-IV	-1,75874	DR	-0,635916	n.s
XP_012087887.1	XM_012232497.3	LOC105646614	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-2,03085	DR	-0,0843443	n.s
XP_012088046.1	XM_012232656.3	LOC105646733	RLK-Pelle_LRR-III	-1,37785	DR	-0,842046	n.s
XP_012088120.1	XM_012232730.2	LOC105646793	RLK-Pelle_LRR-II	-1,98681	DR	-0,0116217	n.s
XP_012088210.1	XM_012232820.3	LOC105646884	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,08441	DR	0,267528	n.s
XP_012089559.1	XM_012234169.3	LOC105647945	RLK-Pelle_LRR-IX	-2,73645	DR	-0,997429	n.s
XP_012089681.1	XM_012234291.2	LOC105648035	RLK-Pelle_LRR-II	-2,29695	DR	-0,865873	n.s
XP_012089771.1	XM_012234381.3	LOC105648089	RLK-Pelle_LRR-III	-1,5029	DR	-0,45692	n.s
XP_012090287.1	XM_012234897.3	LOC105648494	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-3,38787	DR	-0,961757	n.s
XP_012090461.1	XM_012235071.3	LOC105648625	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,16191	DR	-0,555747	n.s
XP_012090493.1	XM_012235103.3	LOC105648645	RLK-Pelle_LRR-III	-2,16767	DR	-0,831476	n.s
XP_012090763.1	XM_012235373.3	LOC105648871	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,04899	DR	-0,675059	n.s
XP_012091060.1	XM_012235670.2	LOC105649111	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-1,51063	DR	-0,694233	n.s
XP_012091138.1	XM_012235748.3	LOC105649173	RLK-Pelle_LRR-VII-1	-1,49542	DR	-0,964958	n.s
XP_012091787.1	XM_012236397.3	LOC105649676	RLK-Pelle_LRR-VI-2	-1,41855	DR	-0,554175	n.s
XP_020534031.2	XM_020678372.2	LOC110008606	RLK-Pelle_LRR-I-1	-1,74185	DR	-1,42133	n.s
XP_020536968.1	XM_020681309.2	LOC105639116	RLK-Pelle_LRR-IX	-2,71398	DR	-0,695123	n.s
XP_020540421.1	XM_020684762.2	LOC105649054	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-5,1165	DR	-2,13767	DR
XP_020540903.1	XM_020685244.2	LOC105649103	RLK-Pelle_LRR-VII-1	-2,28027	DR	-0,686501	n.s
XP_020541127.1	XM_020685468.2	LOC105650142	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-2,02102	DR	-0,277316	n.s
XP_037491703.1	XM_037635775.1	LOC105650935	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-1,99821	DR	-0,544027	n.s
XP_037492628.1	XM_037636700.1	LOC105633572	RLK-Pelle_LRR-XII-1	-2,91198	DR	-0,461901	n.s
XP_037493569.1	XM_037637641.1	LOC105645846	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-2,3424	DR	-0,70552	n.s
XP_037493783.1	XM_037637855.1	LOC105629750	RLK-Pelle_LRR-XI-1	-3,7384	DR	-1,07977	n.s
XP_037494677.1	XM_037638749.1	LOC105649101	RLK-Pelle_LRR-XII-1	1,79562	UR	inf	no
XP_037495355.1	XM_037639427.1	LOC105648373	RLK-Pelle_LRR-III	-1,66446	DR	-0,368458	n.s
XP_037495639.1	XM_037639711.1	LOC105646982	RLK-Pelle_LRR-V	-1,70451	DR	-0,0604601	n.s
XP_037496577.1	XM_037640649.1	LOC119371100	RLK-Pelle_LRR-Xb-1	-2,28041	DR	-0,290147	n.s
XP_037496979.1	XM_037641051.1	LOC105639479	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	-3,72947	DR	-0,557315	n.s
XP_037496990.1	XM_037641062.1	LOC105639413	RLK-Pelle_LRR-VIII-1	-5,69603	DR	-1,43453	n.s
XP_037497862.1	XM_037641934.1	LOC105639438	RLK-Pelle_LRR-VI-2	-1,07388	DR	-0,185936	n.s

APÊNDICE D - Tabela suplementar 4. Termos de Gene Ontology Enriquecidos (p -value $\leq 0,01$) identificados nas LRRs presentes no quinoa *J. curcas*.

GO ID	Termo	Contagem (gene)	p -value	Categoria
GO:0009987	Cellular process	114	1.31e-19	PB
GO:0044238	Primary metabolic process	113	4.17e-42	PB
GO:0071704	Organic substance metabolic process	113	3.31e-38	PB
GO:0019538	Protein metabolic process	111	2.68e-72	PB
GO:0044237	Cellular metabolic process	111	1.13e-37	PB
GO:0044267	Cellular protein metabolic process	110	6.75e-75	PB
GO:0006796	Phosphate-containing compound metabolic process	99	1.98e-80	PB
GO:0006464	Cellular protein modification process	99	5.68e-71	PB
GO:0006468	Protein phosphorylation	98	2.43e-107	PB
GO:0050896	Response to stimulus	62	3.15e-09	PB
GO:0065007	Biological regulation	57	8.90e-07	PB
GO:0050789	Regulation of biological process	56	5.17e-08	PB
GO:0050794	Regulation of cellular process	50	8.90e-07	PB
GO:0051716	Cellular response to stimulus	43	1.49e-09	PB
GO:0007154	Cell communication	42	8.59e-14	PB
GO:0007165	Signal transduction	41	3.00e-15	PB
GO:0032502	Developmental process	38	7.13e-07	PB
GO:0048856	Anatomical structure development	37	7.92e-07	PB
GO:0032501	Multicellular organismal process	34	1.58e-05	PB
GO:0007275	Multicellular organism development	31	5.12e-05	PB
GO:0042221	Response to chemical	29	0.0034	PB
GO:0010033	Response to organic substance	26	8.00e-05	PB
GO:0048731	System development	25	6.04e-05	PB
GO:0009725	Response to hormone	24	1.27e-05	PB
GO:0009791	Post-embryonic development	23	1.42e-05	PB
GO:0003006	Developmental process involved in reproduction	22	2.85e-05	PB
GO:0009605	Response to external stimulus	22	0.0019	PB
GO:0050793	Regulation of developmental process	21	1.56e-08	PB
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	21	0.00091	PB
GO:0009755	Hormone-mediated signaling pathway	20	1.23e-06	PB
GO:0006952	Defense response	20	0.0019	PB
GO:0099402	Plant organ development	19	2.04e-05	PB
GO:0048608	Reproductive structure development	19	0.00013	PB
GO:0044419	Interspecies interaction between organisms	19	0.0022	PB
GO:0009888	Tissue development	17	6.48e-07	PB
GO:0009653	Anatomical structure morphogenesis	17	4.48e-05	PB
GO:0051707	Response to other organism	17	0.0112	PB
GO:0098542	Defense response to other organism	16	0.0035	PB
GO:0051239	Regulation of multicellular organismal process	15	1.85e-05	PB
GO:0048367	Shoot system development	15	0.00043	PB
GO:0040008	Regulation of growth	13	2.40e-06	PB
GO:0090567	Reproductive shoot system development	13	4.48e-05	PB

GO:0048869	Cellular developmental process	13	0.0069	PB
GO:0048638	Regulation of developmental growth	12	2.51e-09	PB
GO:0048507	Meristem development	12	1.01e-07	PB
GO:0018193	Peptidyl-amino acid modification	12	6.12e-05	PB
GO:0009908	Flower development	12	0.00018	PB
GO:0046777	Protein autophosphorylation	11	1.86e-07	PB
GO:0048437	Floral organ development	11	3.09e-06	PB
GO:0006412	Translation	11	0.0013	PB
GO:2000026	Regulation of multicellular organismal development	11	0.0031	PB
GO:0030154	Cell differentiation	11	0.0324	PB
GO:0048229	Gametophyte development	10	0.0016	PB
GO:0048827	Phyllome development	10	0.0049	PB
GO:0048509	Regulation of meristem development	9	2.50e-06	PB
GO:0010073	Meristem maintenance	9	3.72e-06	PB
GO:1905392	Plant organ morphogenesis	9	0.0055	PB
GO:0010075	Regulation of meristem growth	8	7.30e-08	PB
GO:0022603	Regulation of anatomical structure morphogenesis	8	0.00016	PB
GO:0048438	Floral whorl development	8	0.00027	PB
GO:0002376	Immune system process	8	0.0240	PB
GO:0009793	Embryo development ending in seed dormancy	8	0.0242	PB
GO:0051704	Multi-organism process	8	0.0446	PB
GO:0009741	Response to brassinosteroid	7	0.00012	PB
GO:0090698	Post-embryonic plant morphogenesis	7	0.0025	PB
GO:0048653	Anther development	6	0.00012	PB
GO:0009742	Brassinosteroid mediated signaling pathway	6	0.00025	PB
GO:2000280	Regulation of root development	5	0.0053	PB
GO:0048508	Embryonic meristem development	4	0.0016	PB
GO:0002181	Cytoplasmic translation	4	0.0155	PB
GO:0045595	Regulation of cell differentiation	4	0.0222	PB
GO:0010941	Regulation of cell death	4	0.0269	PB
GO:0007639	Homeostasis of number of meristem cells	3	0.00030	PB
GO:0010067	Procambium histogenesis	3	0.0020	PB
GO:0010152	Pollen maturation	3	0.0067	PB
GO:0009934	Regulation of meristem structural organization	3	0.0088	PB
GO:0009556	Microsporogenesis	3	0.0100	PB
GO:0060548	Negative regulation of cell death	3	0.0223	PB
GO:0010103	Stomatal complex morphogenesis	3	0.0234	PB
GO:0080092	Regulation of pollen tube growth	3	0.0282	PB
GO:0048657	Anther wall tapetum cell differentiation	2	0.0114	PB
GO:0090548	Response to nitrate starvation	2	0.0483	PB
GO:0004672	Protein kinase activity	96	4.44e-105	FM
GO:0004674	Protein serine/threonine kinase activity	76	9.44e-76	FM
GO:0140096	Catalytic activity, acting on a protein	98	9.77e-75	FM
GO:0005524	ATP binding	97	5.16e-72	FM
GO:0000166	Nucleotide binding	98	3.67e-64	FM
GO:1901363	Heterocyclic compound binding	106	3.44e-42	FM

GO:0097159	Organic cyclic compound binding	106	4.76e-42	FM
GO:0038023	Signaling receptor activity	36	9.29e-39	FM
GO:0043167	Ion binding	99	7.00e-37	FM
GO:0019199	Transmembrane receptor protein kinase activity	31	1.11e-36	FM
GO:0004888	Transmembrane signaling receptor activity	32	7.62e-36	FM
GO:0005488	Binding	111	1.58e-28	FM
GO:0003824	Catalytic activity	99	3.31e-27	FM
GO:0004675	Transmembrane receptor protein serine/threonine kinase activity	23	3.01e-25	FM
GO:0033612	Receptor serine/threonine kinase binding	12	9.67e-15	FM
GO:0004714	Transmembrane receptor protein tyrosine kinase activity	9	1.10e-13	FM
GO:0004713	Protein tyrosine kinase activity	10	2.82e-13	FM
GO:0005102	Signaling receptor binding	13	1.67e-11	FM
GO:0001653	Peptide receptor activity	7	5.94e-11	FM
GO:0042802	Identical protein binding	13	1.40e-06	FM
GO:0003735	Structural constituent of ribosome	11	5.47e-05	FM
GO:0015026	Coreceptor activity	3	0.00027	FM
GO:0005515	Protein binding	24	0.0061	FM
GO:0017046	Peptide hormone binding	2	0.0084	FM
GO:0004383	Guanylate cyclase activity	2	0.0283	FM
GO:0042277	Peptide binding	4	0.0425	FM
GO:0005886	Plasma membrane	98	1.79e-59	CC
GO:0071944	Cell periphery	100	1.65e-55	CC
GO:0016021	Integral component of membrane	98	1.73e-50	CC
GO:0016020	Membrane	110	2.10e-44	CC
GO:0110165	Cellular anatomical entity	115	1.24e-11	CC
GO:0009506	Plasmodesma	22	8.47e-09	CC
GO:0042788	Polysomal ribosome	9	2.40e-07	CC
GO:0044391	Ribosomal subunit	11	1.18e-05	CC
GO:0022626	Cytosolic ribosome	11	2.07e-05	CC
GO:0022625	Cytosolic large ribosomal subunit	8	2.66e-05	CC
GO:0090406	Pollen tube	5	0.0013	CC
GO:0009505	Plant-type cell wall	7	0.0033	CC
GO:0005730	Nucleolus	8	0.0298	CC

APÊNDICE E- Tabela suplementar 5. Termos de Gene Ontology Enriquecidos (valor de $p \leq 0,01$) identificados nas respostas de Jc171, com base apenas nas LRRs DEGs (UR ou DR).

GO ID	Termo	Contagem (gene)	p-value	Categoria
GO:0006468	Protein phosphorylation	63	2.42e-67	PB
GO:0006796	Phosphate-containing compound metabolic process	64	1.41e-50	PB
GO:0044267	Cellular protein metabolic process	74	1.41e-50	PB
GO:0019538	Protein metabolic process	75	1.52e-49	PB
GO:0006464	Cellular protein modification process	64	1.85e-44	PB
GO:0044238	Primary metabolic process	77	7.70e-30	PB
GO:0071704	Organic substance metabolic process	77	3.74e-27	PB
GO:0044237	Cellular metabolic process	75	4.56e-26	PB
GO:0009987	Cellular process	78	1.73e-14	PB
GO:0007165	Signal transduction	27	1.06e-09	PB
GO:0007154	Cell communication	28	5.25e-09	PB
GO:0051716	Cellular response to stimulus	29	2.23e-06	PB
GO:0009755	Hormone-mediated signaling pathway	16	3.41e-06	PB
GO:0050896	Response to stimulus	41	8.07e-06	PB
GO:0048437	Floral organ development	9	1.21e-05	PB
GO:0090567	Reproductive shoot system development	11	4.82e-05	PB
GO:0050789	Regulation of biological process	37	4.88e-05	PB
GO:0009888	Tissue development	12	5.52e-05	PB
GO:0048507	Meristem development	8	5.66e-05	PB
GO:0032502	Developmental process	26	8.52e-05	PB
GO:0003006	Developmental process involved in reproduction	17	9.30e-05	PB
GO:0010075	Regulation of meristem growth	5	0.00013	PB
GO:0048856	Anatomical structure development	25	0.00013	PB
GO:0046777	Protein autophosphorylation	7	0.00019	PB
GO:0065007	Biological regulation	38	0.00021	PB
GO:0009908	Flower development	10	0.00023	PB
GO:0048608	Reproductive structure development	15	0.00024	PB
GO:0099402	Plant organ development	14	0.00024	PB
GO:0009725	Response to hormone	17	0.00032	PB
GO:0006412	Translation	10	0.00033	PB
GO:0048653	Anther development	5	0.00036	PB
GO:0048509	Regulation of meristem development	6	0.00041	PB
GO:0050793	Regulation of developmental process	12	0.00041	PB
GO:0009791	Post-embryonic development	16	0.00049	PB
GO:0048229	Gametophyte development	9	0.00052	PB
GO:0010073	Meristem maintenance	6	0.00053	PB
GO:0018193	Peptidyl-amino acid modification	9	0.00053	PB
GO:0070887	Cellular response to chemical stimulus	17	0.00056	PB
GO:0007275	Multicellular organism development	22	0.00060	PB
GO:0009742	Brassinosteroid mediated signaling pathway	5	0.00060	PB
GO:0048731	System development	18	0.00060	PB

GO:0048367	Shoot system development	12	0.00061	PB
GO:0048638	Regulation of developmental growth	6	0.00061	PB
GO:0032501	Multicellular organismal process	23	0.00072	PB
GO:0050794	Regulation of cellular process	31	0.0014	PB
GO:0010033	Response to organic substance	18	0.0015	PB
GO:0048438	Floral whorl development	6	0.0019	PB
GO:0010152	Pollen maturation	3	0.0026	PB
GO:0009934	Regulation of meristem structural organization	3	0.0034	PB
GO:0009653	Anatomical structure morphogenesis	11	0.0037	PB
GO:0009556	Microsporogenesis	3	0.0038	PB
GO:0002181	Cytoplasmic translation	4	0.0043	PB
GO:0048657	Anther wall tapetum cell differentiation	2	0.0063	PB
GO:0040008	Regulation of growth	7	0.0074	PB
GO:0007639	Homeostasis of number of meristem cells	2	0.0092	PB
GO:0042221	Response to chemical	21	0.0093	PB
GO:0048508	Embryonic meristem development	3	0.0099	PB
GO:0022603	Regulation of anatomical structure morphogenesis	5	0.0112	PB
GO:1905392	Plant organ morphogenesis	7	0.0119	PB
GO:0048869	Cellular developmental process	10	0.0121	PB
GO:0090698	Post-embryonic plant morphogenesis	5	0.0188	PB
GO:0009555	Pollen development	6	0.0213	PB
GO:0010067	Procambium histogenesis	2	0.0329	PB
GO:0009798	Axis specification	3	0.0333	PB
GO:0048827	Phyllome development	7	0.0343	PB
GO:0004672	Protein kinase activity	61	8.26e-65	FM
GO:0004674	Protein serine/threonine kinase activity	48	1.88e-46	FM
GO:0140096	Catalytic activity, acting on a protein	63	1.88e-46	FM
GO:0005524	ATP binding	62	2.47e-44	FM
GO:0000166	Nucleotide binding	63	7.57e-40	FM
GO:1901363	Heterocyclic compound binding	70	1.71e-27	FM
GO:0097159	Organic cyclic compound binding	70	2.09e-27	FM
GO:0038023	Signaling receptor activity	22	6.81e-23	FM
GO:0043167	Ion binding	64	1.02e-22	FM
GO:0004888	Transmembrane signaling receptor activity	20	6.40e-22	FM
GO:0019199	Transmembrane receptor protein kinase activity	19	6.52e-22	FM
GO:0005488	Binding	75	5.41e-20	FM
GO:0003824	Catalytic activity	64	1.49e-16	FM
GO:0004675	Transmembrane receptor protein serine/threonine kinase activity	13	2.45e-13	FM
GO:0033612	Receptor serine/threonine kinase binding	9	1.55e-11	FM
GO:0004713	Protein tyrosine kinase activity	7	1.97e-09	FM
GO:0004714	Transmembrane receptor protein tyrosine kinase activity	6	3.54e-09	FM
GO:0001653	Peptide receptor activity	4	5.76e-06	FM
GO:0003735	Structural constituent of ribosome	10	9.43e-06	FM
GO:0042802	Identical protein binding	9	0.00013	FM
GO:0015026	Coreceptor activity	2	0.0097	FM

GO:0005515	Protein binding	17	0.0267	FM
GO:0005886	Plasma membrane	67	1.17e-41	CC
GO:0071944	Cell periphery	69	7.41e-40	CC
GO:0016021	Integral component of membrane	64	4.42e-32	CC
GO:0016020	Membrane	74	2.31e-30	CC
GO:0110165	Cellular anatomical entity	79	3.51e-09	CC
GO:0009506	Plasmodesma	18	1.26e-08	CC
GO:0042788	Polysomal ribosome	8	1.72e-07	CC
GO:0044391	Ribosomal subunit	10	2.14e-06	CC
GO:0022626	Cytosolic ribosome	10	3.64e-06	CC
GO:0022625	Cytosolic large ribosomal subunit	7	2.09e-05	CC
GO:0009505	Plant-type cell wall	7	0.00026	CC
GO:0090406	Pollen tube	4	0.0036	CC
GO:0005730	Nucleolus	7	0.0126	CC
GO:0005618	Cell wall	9	0.0128	CC

APÊNDICE F- Tabela suplementar 6. Termos de Gene Ontology Enriquecidos (valor de $p \leq 0,01$) identificados nas respostas de Jc183, com base apenas nas LRRs DEGs (UR ou DR).

GO ID	Termo	Contagem (gene)	p-value	Categoria
GO:0006468	Protein phosphorylation	15	9.64e-15	PB
GO:0006796	Phosphate-containing compound metabolic process	16	3.55e-12	PB
GO:0006464	Cellular protein modification process	16	9.19e-11	PB
GO:0009742	Brassinosteroid mediated signaling pathway	4	9.99e-05	PB
GO:0007165	Signal transduction	9	0.00036	PB
GO:0060548	Negative regulation of cell death	3	0.00036	PB
GO:0071396	Cellular response to lipid	5	0.0015	PB
GO:0009755	Hormone-mediated signaling pathway	6	0.0042	PB
GO:0050896	Response to stimulus	13	0.0044	PB
GO:0050789	Regulation of biological process	12	0.0082	PB
GO:1901701	Cellular response to oxygen-containing compound	5	0.0110	PB
GO:0010152	Pollen maturation	2	0.0114	PB
GO:0009556	Microsporogenesis	2	0.0144	PB
GO:0004672	Protein kinase activity	14	1.85e-13	FM
GO:0038023	Signaling receptor activity	9	4.89e-11	FM
GO:0140096	Catalytic activity, acting on a protein	15	1.36e-10	FM
GO:0004674	Protein serine/threonine kinase activity	11	6.14e-10	FM
GO:0005524	ATP binding	14	4.22e-09	FM
GO:0000166	Nucleotide binding	15	4.78e-09	FM
GO:0019199	Transmembrane receptor protein kinase activity	7	4.78e-09	FM
GO:0033612	Receptor serine/threonine kinase binding	5	4.02e-08	FM
GO:0004714	Transmembrane receptor protein tyrosine kinase activity	4	8.60e-08	FM
GO:0004675	Transmembrane receptor protein serine/threonine kinase activity	6	8.87e-08	FM
GO:0042802	Identical protein binding	7	3.81e-07	FM
GO:0043167	Ion binding	15	4.40e-05	FM
GO:0005515	Protein binding	9	0.00077	FM
GO:0001653	Peptide receptor activity	2	0.0020	FM
GO:0005488	Binding	16	0.0038	FM
GO:0005886	Plasma membrane	16	3.84e-09	CC
GO:0016021	Integral component of membrane	16	4.97e-08	CC