

ASPECTOS BIOQUÍMICOS E FISIOLÓGICOS ASSOCIADOS À
QUALIDADE ESPECTRAL DA LUZ NO DESENVOLVIMENTO DE
BROTAÇÕES *in vitro* DE *Gallesia integrifolia* (SPRENG.) HARMS
(PHYTOLACCACEAE)

MATEUS SANTANA RODRIGUES

UNIVERSIDADE ESTADUAL DO NORTE FLUMINENSE DARCY

RIBEIRO – UENF

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ

JULHO – 2023

FICHA CATALOGRÁFICA
UENF - Bibliotecas
Elaborada com os dados fornecidos pelo autor.

R696

Rodrigues, Mateus Santana.

Aspectos bioquímicos e fisiológicos associados à qualidade espectral da luz no desenvolvimento de brotações *in vitro* de *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms (Phytolaccaceae) / Mateus Santana Rodrigues. - Campos dos Goytacazes, RJ, 2023.

75 f. : il.

Inclui bibliografia.

Dissertação (Mestrado em Produção Vegetal) - Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias, 2023.

1. Arbórea. 2. Cultura de tecidos vegetais. 3. Fotomorfogênese. 4. LED. I. Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. II. Título.

CDD - 630

ASPECTOS BIOQUÍMICOS E FISIOLÓGICOS ASSOCIADOS À
QUALIDADE ESPECTRAL DA LUZ NO DESENVOLVIMENTO DE
BROTAÇÕES *in vitro* DE *Gallesia integrifolia* (SPRENG.) HARMS
(PHYTOLACCACEAE)

MATEUS SANTANA RODRIGUES

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal”.

Orientadora: Prof^a. Dr^a. Claudete Santa Catarina

Coorientador: Dr. Tadeu dos Reis de Oliveira

CAMPOS DOS GOYTACAZES – RJ
JULHO – 2023

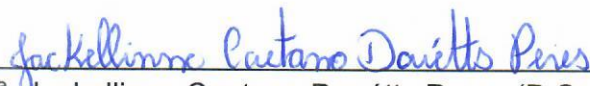
ASPECTOS BIOQUÍMICOS E FISIOLÓGICOS ASSOCIADOS À
QUALIDADE ESPECTRAL DA LUZ NO DESENVOLVIMENTO DE
BROTAÇÕES *in vitro* DE *Gallesia integrifolia* (SPRENG.) HARMS
(PHYTOLACCACEAE)

MATEUS SANTANA RODRIGUES

“Dissertação apresentada ao Centro de Ciências e Tecnologias Agropecuárias da Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, como parte das exigências para obtenção do título de Mestre em Produção Vegetal”.

Aprovada em 31 de julho de 2023

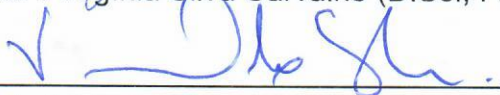
Comissão Examinadora:



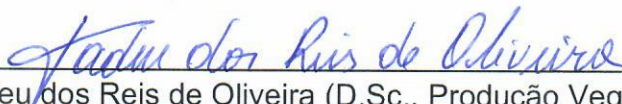
Prof^a. Jackellinne Caetano Douéts Peres (D.Sc., Biociências e Biotecnologia) – SEEDUC-RJ



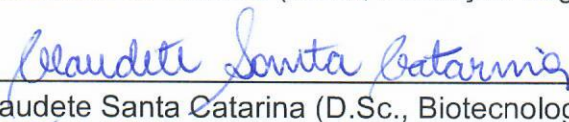
Prof^a. Virginia Silva Carvalho (D.Sc., Fitotecnia) – UENF



Prof. Vanildo Silveira (D.Sc., Biotecnologia) – UENF



Dr. Tadeu dos Reis de Oliveira (D.Sc., Produção Vegetal) – UENF (Coorientador)



Prof^a. Claudete Santa Catarina (D.Sc., Biotecnologia) – UENF (Orientadora)

Aos meus pais Francisco Rodrigues e Maria Rodrigues por todo o amor, apoio e
oração,

Dedico.

SUMÁRIO

RESUMO	1
ABSTRACT	3
1. INTRODUÇÃO	5
2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA	8
2.1. Gallesia integrifolia (Spreng.) Harms.....	8
2.2. Propagação <i>in vitro</i>	11
2.3. Fotomorfogênese	12
2.4. Poliaminas (PAs).....	14
2.5. Proteômica de plantas.....	15
3. OBJETIVO	17
3.1. Objetivo geral	17
3.2. Objetivos específicos.....	17
4. MATERIAL E MÉTODOS.....	18
4.1. Material vegetal	18
4.2. Germinação das sementes <i>in vitro</i>	19
4.3. O espectro de luz no desenvolvimento dos brotos <i>in vitro</i>	19
4.4. Análise do crescimento	20
4.5. Determinação de PAs livres	20

4.6. Análise da proteômica comparativa.....	21
4.7. Pigmentos fotossintéticos.....	23
4.8. Análise do rendimento quântico máximo do fotossistema II (Fv/Fm)	24
4.9. Análise histomorfológica.....	24
4.10. Análise estatística.....	25
5. RESULTADOS.....	26
5.1. Diferentes tipos de luz no desenvolvimento dos brotos in vitro	26
5.2. Conteúdo de PAs livres em brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares sob diferentes tipos de luz.....	29
5.3. Acúmulo diferencial de proteínas durante o desenvolvimento de brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares sob diferentes espectros de luz.....	30
5.4. Análises fisiológicas dos brotos sob diferentes espectros de luz.	33
5.5. Anatomia foliar sob diferentes espectros de luz.	35
6. DISCUSSÃO	38
7. RESUMO E CONCLUSÕES	44
REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS	45
APÊNDICE	56

RESUMO

RODRIGUES, Mateus Santana; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. Julho de 2023. Aspectos bioquímicos e fisiológicos associados à qualidade espectral da luz no desenvolvimento de brotações *in vitro* de *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms (Phytolaccaceae). Professora orientadora: Claudete Santa Catarina. Coorientador: Tadeu dos Reis de Oliveira.

Gallesia integrifolia é uma espécie arbórea nativa da Mata Atlântica com característica de crescimento pioneira, de importância ecológica e com potencial de uso para a recuperação de áreas ambientais impactadas pelo desflorestamento. O espectro de luz é um dos fatores relevantes para a propagação *in vitro* e produção de mudas. O objetivo deste estudo foi avaliar o efeito da qualidade espectral da luz no desenvolvimento das brotações *in vitro* de *G. integrifolia*. Foram utilizados segmentos nodais cotiledonares e apicais inoculados em meio de cultura MS, suplementado com 20 g L⁻¹ de sacarose, 0,5 µM de benziladenina (BA) e 2 g L⁻¹ Phytigel. Os explantes foram mantidos em sala de crescimento a 25 ± 2 °C, fotoperíodo de 16 h, intensidade luminosa com 55 µmol m⁻² s⁻¹ e qualidade de luz variando sob 3 diferentes tipos de lâmpadas LEDs: a) branco com azul médio (BAm); b) branco com azul médio e vermelho (BAmV) e c) branco com azul médio, vermelho e vermelho distante (BAmVVd) e lâmpada fluorescente (controle). Após 60 dias de cultivo *in vitro*, foram analisados o comprimento e número das brotações. O tratamento com a lâmpada LED BAmV

promoveu maior crescimento das brotações em ambos os segmentos nodais. O maior conteúdo de PAs livres totais e de Put livre em brotações mantidas na LED BAmV em comparação com as brotações crescidas sob a lâmpada fluorescente foram associados ao maior comprimento das brotações. O conteúdo de clorofilas e carotenoides foi superior em brotações mantidas sob os tratamentos com lâmpadas LED. Além disso, a análise proteômica possibilitou a identificação de 312 proteínas, sendo 39 diferencialmente acumuladas. Brotações incubadas sob a lâmpada LED BAmV apresentaram acúmulo de proteínas de ligação clorofila ab do complexo antena (6A; 7, 8, 13, CP24 10A, CP26 e CP29.2), assim como a proteína aconitato hidratase relacionada ao Ciclo de Krebs, as quais podem estar relacionadas com o maior alongamento das brotações. Esses resultados contribuíram para a compreensão dos mecanismos fisiológicos e bioquímicos relacionados ao potencial de crescimento de brotações sob diferentes qualidades espectrais da luz, especialmente combinando o espectro de luz azul com vermelho, e podem otimizar protocolos de propagação em larga escala desta espécie nativa da Mata Atlântica.

Palavras-chave: Arbórea, cultura de tecidos vegetais, fotomorfogênese, LED.

ABSTRACT

RODRIGUES, Mateus Santana; M.Sc.; Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro. July 2023. Biochemical and physiological aspects associated with the spectral quality of light on the *in vitro* shoot development of *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms (Phytolaccaceae). Professor advisor: Claudete Santa Catarina. Co-advisor: Tadeu dos Reis de Oliveira.

Gallesia integrifolia is a native woody species with pioneering characteristics and ecological importance and it has potential for the recovery of environmental areas impacted by deforestation. The light spectrum is one of the relevant factors for *in vitro* propagation and seedling production. The aim of this study was to evaluate the effect of the spectral quality of light on the *in vitro* shoot development of *G. integrifolia*, as well as the endogenous content of polyamines (PA), chlorophyll and carotenoid content and the differential accumulation of proteins. Cotyledonary and apical nodal segments were inoculated in MS culture medium supplemented with 20 g L⁻¹ sucrose, 0.5 µM benzyladenine (BA) and 2 g L⁻¹ Phytigel. The explants were incubated in a growth room at 25 ± 2 °C under a photoperiod of 16 h, light intensity of 55 µmol m⁻² s⁻¹ and light quality varying under 3 different types of LED lamps: a) white to medium blue (WmB); b) white with medium blue and deep red

(WmBdR) and c) white with medium blue, deep red and far red (WmBdRfR), and fluorescent lamp (control treatment). After 60 days of *in vitro* cultivation, the shoot length and number were analyzed. The greatest shoot length was obtained with the WmBdR LED lamp treatment in both nodal segments. Shoots grown under the WmBdR LED lamp showed higher total free PA and free Put contents than shoots grown under the fluorescent lamp. The chlorophyll and carotenoid contents were higher in shoots maintained under treatments with LED lamps. Additionally, proteomic analysis enabled the identification of 312 proteins, 39 of which were differentially accumulated. Shoots incubated under a WmBdR LED lamp showed accumulation of chlorophyll ab binding proteins of the antenna complex (6A; 7, 8, 13, CP24 10A, CP26 and CP29.2), as well as the protein aconitate hydratase related to the Krebs cycle. These findings may be associated with the increased elongation of shoots. These results contribute to the understanding of the physiological and biochemical mechanisms related to the growth potential of shoots under different spectral light qualities, especially when combined the blue with red light, and may optimize large-scale propagation protocols for this species native to the Atlantic Forest.

Keywords: LED, photomorphogenesis, plant tissue culture, woody plant.

1. INTRODUÇÃO

A luz é um fator essencial na cultura de tecidos vegetais, pois está diretamente relacionada com a fotossíntese e fotomorfogênese de plantas (Gnasekaran et al., 2022; Sarropoulou et al., 2023). As plantas percebem a luz no ambiente por meio de pigmentos fotorreceptores (Wit and Pierik, 2016), os quais utilizam a energia da luz como sinais biológicos para modular a expressão de genes relacionados com a fotossíntese, metabolismo, morfogênese e com o crescimento e desenvolvimento de plantas (Viczián et al., 2017; Farrokhzad et al., 2022).

As lâmpadas fluorescentes foram por longo tempo, utilizadas como fonte de luz para o cultivo de plantas *in vitro*, porém estas lâmpadas apresentam desvantagens, como emissão de luz em comprimentos de onda não fotossinteticamente ativos e alto consumo de energia (Economou and Read, 1987; Gupta and Jatothu, 2013). Sendo assim, as lâmpadas de diodo emissor de luz (LEDs) se tornam uma alternativa vantajosa pela possibilidade de utilizar comprimentos de ondas específicos e por apresentarem menor consumo de energia em comparação com a lâmpada fluorescente (Shukla et al., 2017) sendo apropriado na investigação de respostas da planta na fotomorfogênese *in vitro* (Jung et al., 2021).

Em espécies arbóreas como *Cariniana legalis* (Lerin et al., 2019) e *Cedrela fissilis* (Oliveira et al., 2020) a combinação de luz branca, azul e vermelha fornecida pela lâmpada LED em comparação com a lâmpada fluorescente proporcionou maior comprimento das brotações desenvolvidas *in vitro* e alterou o conteúdo endógeno de poliaminas (PAs) e o acúmulo diferencial de proteínas. Neste sentido, análises do conteúdo endógeno de PAs e da proteômica comparativa apresentam um potencial para a compreensão dos fatores associados à fotomorfogênese, possibilitando compreender o crescimento e desenvolvimento de brotos durante o cultivo *in vitro* (Heringer et al., 2018; Lerin et al., 2019; Oliveira et al., 2020).

As PAs são compostos nitrogenados de baixo peso molecular que desempenham um papel modulador crucial no crescimento e desenvolvimento e em resposta a estresses bióticos e abióticos em plantas (Chen et al., 2019). As principais PAs estudadas em plantas são a Putrescina (Put), Espermina (Spm) e Espermidina (Spd) (Jangra et al. 2022). Estas PAs já foram relatadas em estudos *in vitro* na organogênese (Gajula et al., 2022), embriogênese somática (Silveira et al., 2006; Santa-Catarina et al., 2007) e fotomorfogênese (Lerin et al., 2019; Oliveira et al., 2020). Em *C. legalis* houve o maior acúmulo de Put, Spd e PAs livres totais em brotos mantidos sob a lâmpada LED combinando luz branca, luz azul e vermelha comparativamente com brotos crescidos sob a lâmpada fluorescente, o que pode ter promovido o maior crescimento destes brotos (Lerin et al., 2019).

Além disso, estudos de proteômica em plantas sob diferentes condições, têm permitido a identificação de proteínas e a compreensão e relações com o crescimento e desenvolvimento vegetal (Takáč et al., 2011; Heringer et al., 2018; Pessanha et al., 2022). Estudos com espécies arbóreas foi possível identificar proteínas que foram up-acumuladas relacionadas com o crescimento e desenvolvimento das brotações *in vitro*, como aspartato aminotransferase e calreticulina em *Dalbergia nigra* (Pessanha et al., 2022), argininosuccinato sintase em *C. fissilis* (Oliveira et al., 2020) e as proteínas tubulina e chaperonina em *C. legalis* (Lerin et al., 2019).

Atividades antrópicas como expansão de centros urbanos, construção de estradas, poluição, expansão da agricultura, agropecuária e extrativismo das

espécies vegetais, especialmente das produtoras de madeira, são fatores que contribuíram significativamente para a redução da biodiversidade nas florestas brasileiras (Dean, 1996; Veiga and Ehlers, 2003; Santos et al., 2020). Sabe-se que a Mata Atlântica é uma das florestas tropicais mais ameaçadas do planeta (Safar et al., 2020) e a produção de mudas em larga escala de espécies arbóreas nativas como *Gallesia integrifolia* pode ser uma forte aliada para a restauração de áreas ambientais degradadas.

G. integrifolia (Phytolaccaceae) é uma espécie arbórea nativa da Mata Atlântica utilizada para fins paisagístico e medicinal, com grande potencial no reflorestamento e recuperação de áreas degradadas por ser uma espécie pioneira de crescimento rápido e por acumular grandes quantidades de biomassa (Lorenzi, 1992; Souza et al., 2020). Devido a importância desta espécie, o objetivo do estudo foi compreender os mecanismos bioquímicos e fisiológicos associados ao crescimento e desenvolvimento *in vitro* das brotações de *G. integrifolia* sob diferentes qualidades espectrais de luz.

2. REVISÃO BIBLIOGRÁFICA

2.1. *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms

Gallesia integrifolia (Spreng.) Harms é uma arbórea nativa de grande porte pertencente à família Phytolaccaceae conhecida popularmente como “pau-d’alho” devido ao forte odor de alho que é exalado por todas as partes da planta por apresentar compostos sulfurados (Akisue et al., 1986; Barbosa et al., 1999). Esta espécie é encontrada em diversas regiões brasileiras, tais como Norte (Acre e Amazonas), Nordeste (Alagoas, Bahia, Ceará, Paraíba e Pernambuco), Centro-Oeste (Goiás, Mato Grosso e Mato Grosso do Sul), Sudeste (Espírito Santo, Minas Gerais, Rio de Janeiro e São Paulo) e Sul (Paraná) distribuída em grande maioria no bioma Mata Atlântica e em menor frequência nos biomas Cerrado, Caatinga e Amazônia (Carvalho, 2003; Marchioretto, 2015).

É uma árvore perenifólia podendo chegar até 30 m de altura e 40 a 100 cm de diâmetro à altura do peito (DAP) (Carvalho, 2003). Sua morfologia é caracterizada por apresentar folhas simples, espiraladas, alternas, de consistência coriácea, lâminas ovadas a elípticas, com ápice acuminado, com 8 a 18 cm de comprimento e 4 a 10 cm de largura; as flores são pequenas, de cor bege, com inflorescência em racemos com aproximadamente 35 cm de

comprimento apresentando de 20 a 100 flores; os frutos são do tipo sâmara com cálice persistente, de 2 a 4 cm de comprimento, achatado, de cor amarelo-esverdeada, reunido em cachos; apresenta uma semente por sâmara, de forma orbicular a oboval-orbicular, verticalmente comprimida, de 6 a 7 mm de comprimento por 5 a 6 mm de largura, fracamente tomentosa, com tegumento castanho-avermelhado levemente enrugado (Carvalho, 2003; Marchioretto, 2015).

G. integrifolia apresenta o sistema sexual hermafrodita, sendo as abelhas o principal vetor de polinização e o processo reprodutivo inicia entre 10 e 20 anos de idade, sendo a dispersão de frutos e sementes do tipo anemocórica (pelo vento) e a floração é compreendida no período de janeiro a julho e a frutificação de maio a outubro, variando de acordo com a localização e se em plantio comercial ou naturalmente encontrada na natureza (Carvalho, 2003).

As sementes do *G. integrifolia* perdem rapidamente a viabilidade quando armazenadas em ambiente sem controle de temperatura, enquanto o armazenamento em sacos de papel e de plástico e mantidas em geladeira e em ambiente não controlado por 30, 60 e 120 dias, demonstraram manutenção da viabilidade com 30 e 60 dias e redução na capacidade germinativa com 120 dias de armazenamento (Carvalho, 2003). Entretanto, sementes liofilizadas com 7,1 % de umidade mantiveram integralmente o poder germinativo de 81,5 % por 210 dias (Carvalho, 2003). A maior porcentagem e velocidade de germinação das sementes foi observada quando germinadas em temperaturas constantes de 20, 25 e 30 °C e com temperatura alternada de 20-30 °C, com valores em torno de 80 % de germinação (Barros et al., 2005). Adicionalmente, a qualidade de luz não afetou a germinação das sementes, sendo classificadas como indiferentes ou insensíveis à luz (Barros et al., 2005). Não há relatos sobre estudos com a propagação vegetativa convencional, como a estaquia, em *G. integrifolia*.

A espécie *G. integrifolia* apresenta um grande potencial farmacológico. Seus usos na medicina popular são relatados pelo uso de diferentes partes do vegetal para tratar gripe, tosse, pneumonia, úlceras, tumores, doenças dos sistemas respiratório e linfático, vermes intestinais, abscessos, orquites e reumatismo (Barbosa et al., 1999; Muñoz et al., 2000). Estudos de Raimundo et al. (2018) identificaram a partir do óleo essencial extraídos dos frutos de *G. integrifolia* atividade antifúngica, indicando uma alternativa para reduzir o uso de

fungicidas sintéticos. Adicionalmente, atividade antimicrobiana também foi relatada a partir de óleos extraídos de cascas internas do caule, confirmando assim seu uso popular contra doenças bacterianas infecciosas (Arunachalam et al., 2016) e atividade antiúlcera gástrica (Arunachalam et al., 2017).

Adicionalmente, esta espécie apresenta importância ecológica pelas flores atraírem abelhas e insetos pequenos e pelo uso da casca como alimento para pacas (Carvalho, 2003). Ainda, devido a espécie ser de grande porte, a mesma vem sendo utilizada na arborização rural e em paisagismo de parques e jardins por fornecer sombreamento (Lorenzi, 1992). Sua madeira, que no passado foi pouco utilizada pela indústria madeireira, foi sugerida como alternativa para substituir o uso de espécies como *Araucaria angustifolia* (Pinheiro-do-Paraná) e *Pinus* sp. no processo de fabricação de forros e revestimentos (Carvalho, 2003). Além disso, seu uso é indicado para os mais diversos fins, que vão desde a construção civil, confecção de barcos, caixotaria, até a produção de papel e celulose (Lorenzi, 1992; Carvalho, 2003). É também uma espécie recomendada em sistema de cultivo agroflorestal e para reflorestamento e recuperação de áreas degradadas por ser uma árvore pioneira e por apresentar potencial para promover a rápida recuperação da área e acumular grandes quantidades de biomassa (Souza et al., 2020).

Diante do exposto, estudos envolvendo a propagação de espécies nativas da Mata Atlântica, como a *G. integrifolia*, são de grande importância para a conservação e recuperação de áreas ambientais. Para esta espécie, estudos iniciais com a propagação *in vitro* foram realizados por Cruz (2019). Foi mostrado que é possível propagar a espécie *in vitro* utilizando segmentos nodais apicais e cotiledonares em meio de cultura MS acrescido com 0,5 μ M de Benziladenina (BA). Ademais, foi mostrado que as brotações podem ser enraizadas *ex vitro* mesmo na ausência de auxina (Cruz, 2019). No entanto outros parâmetros relevantes para o cultivo *in vitro*, como o efeito do espectro de luz no desenvolvimento de brotações *in vitro* de *G. integrifolia* ainda não foram realizados, e pode otimizar as etapas da propagação *in vitro* da espécie.

2.2. Propagação *in vitro*

Na cultura de tecidos vegetais, fragmentos da planta, como células, tecidos ou órgãos, chamados de explantes são isolados, descontaminados e cultivados assepticamente em um meio de cultura apropriado sob condições controladas *in vitro*, como luz, temperatura e umidade relativa (Bridgen et al., 2018).

Dentre as aplicações da cultura de tecidos vegetais, destaca-se a propagação *in vitro*. Esta técnica biotecnológica apresenta algumas vantagens em relação a propagação convencional. Dentre as vantagens, destaca-se a propagação de plantas em larga escala e livres de doenças, a propagação independente da estação do ano, a uniformidade nas mudas, além de possibilitar a conservação *in vitro* de plantas ameaçadas de extinção e aplicações na criopreservação (Dhiman et al., 2020; Pe et al., 2020; Haradzi et al., 2021).

Na propagação *in vitro*, a obtenção de brotações pode ocorrer via organogênese, embriogênese somática ou desenvolvimento de gemas axilares. A organogênese pode ser indireta, passando inicialmente pela formação de calos (Huang et al., 2020) ou direta, originando diretamente os meristemas vegetativos do caule que originarão as brotações (Khajuria et al., 2020; Meng et al., 2021). Na embriogênese somática, as células somáticas das plantas passam por desdiferenciação, transformando-se em células embriogênicas e, em seguida, por meio do desenvolvimento embrionário, formarão plantas completas (Verdeil et al., 2007; Long et al., 2022). Este processo pode ocorrer de forma direta, ou indireta passando inicialmente pela formação de calos (Sivanesan et al., 2022). Para as espécies arbóreas, a via mais comumente utilizada para a obtenção de brotações é através do desenvolvimento de gemas axilares a partir de segmentos nodais oriundos de plântulas germinadas *in vitro* como fonte de explantes (Fermino-Junior and Scherwinski-Pereira, 2012; Aragão et al., 2016; Aragão et al., 2017a; Hass et al., 2022; Pessanha et al., 2022).

A condição de iluminação é um fator importante para o crescimento e desenvolvimento de plantas *in vitro* (Gnasekaran et al., 2021). Diversas fontes de luz artificial, incluindo lâmpadas fluorescentes e diodos emissores de luz (LEDs)

tem sido adaptado como fontes de iluminação no cultivo de plantas *in vitro* (Zielińska et al., 2020; Gnasekaran et al., 2022). Usualmente nos laboratórios de cultura de tecidos vegetais as lâmpadas fluorescentes são amplamente utilizadas como fontes de luz (Economou and Read, 1987; Dutta-Gupta and Jatothu, 2013). Porém, com o surgimento das lâmpadas LED, estudos tem demonstrado efeito significativo no desenvolvimento de brotações *in vitro* de espécies arbóreas, como *Cariniana legalis* (Lerin et al., 2019), *Eugenia involucrata* (Stefanel et al., 2020), *Cedrela fissilis* (Oliveira et al., 2020) e *Cedrela odorata* (Santos-Junior et al., 2023).

2.3. Fotomorfogênese

A luz é um dos parâmetros mais importantes no estabelecimento de culturas *in vitro*, pois está diretamente relacionado com a fotossíntese e fotomorfogênese de plantas (Gnasekaran et al., 2022). As plantas percebem a luz no ambiente por meio de pigmentos fotorreceptores (Wit and Pierik, 2016), os quais utilizam a energia da luz como sinais biológicos para modular a expressão de genes relacionados com a fotossíntese, metabolismo, morfogênese e com o crescimento e desenvolvimento de plantas (Viczián et al., 2017; Farrokhzad et al., 2022).

Os fotorreceptores percebem a luz em diferentes comprimentos de onda, correspondentes ao azul (B, 445-500 nm), verde (G, 500-570 nm), vermelho (R, 620-700 nm) e vermelho distante (FR, 700-775 nm), enquanto fotorreceptores específicos percebem a radiação ultravioleta (UV), em particular os tipos UV-A (315–380 nm) e UV-B (280–315 nm), sendo essenciais na fotomorfogênese (Singh et al., 2015; Batista et al., 2018; Zheng et al., 2019). Neste sentido, os fitocromos percebem a luz vermelha e vermelha distante e estão relacionados com a germinação de sementes, expansão foliar e estiolamento (Kusuma and Bugbee, 2021; Paradiso and Proietti, 2022), os criptocromos, fototropinas e membros da família ZEITLUPE (ZTL) são fotorreceptores da luz azul/UV-A e estão relacionados com os ritmos circadianos, fototropismo e florescimento (Galvão and Fankhauser, 2015; Kong and Zheng, 2020; Paradiso and Proietti, 2022) e por fim UV Resistance Locus 8 (UVR8) é o fotorreceptor responsável pela

percepção da luz ultravioleta/UV-B relacionado com a biossíntese de flavonoides (Shi and Liu, 2021; Paradiso and Proietti, 2022). Assim, o uso de lâmpadas com flexibilidade no controle da composição espectral de luz se torna altamente apropriado em estudos de fotomorfogênese (Jung et al., 2021).

O uso de lâmpadas fluorescentes apresenta algumas desvantagens comparativamente às lâmpadas LED, como o alto consumo de energia, produção de calor e emissão de luz em comprimentos de onda não fotossinteticamente ativos, além disso possuem vida útil curta e não produzem espectro e intensidade de luz estáveis ao longo do tempo (Dutta-Gupta and Jatothu, 2013; Taulavuori et al., 2017; Batista et al., 2018). Por outro lado, as lâmpadas de LED apresentam vantagens para o uso no cultivo *in vitro*, como a possibilidade de controle do comprimento de onda (espectro de luz), durabilidade relativamente longa, elevada eficiência pois a maior parte da energia elétrica é convertida em radiação com produção mínima de calor, ou seja, favorece a instalação das lâmpadas com maior proximidade das culturas sem a indução de dano ou fotoestresse (Agarwal and Gupta, 2016; Bello-Bello et al., 2017; Shukla et al., 2017). Neste sentido, estudos para melhor compreensão dos fatores associados a respostas à morfogênese *in vitro* sob o efeito de luz são necessários, visto que a qualidade do espectro de luz tem sido considerada como um sinal importante para o crescimento e desenvolvimento de plantas durante a morfogênese *in vitro*. Entretanto, este tipo de abordagem para espécies arbóreas é pouco expressivo e esses estudos podem contribuir para a propagação *in vitro* de espécies arbóreas nativas, como *G. integrifolia*.

Estudos tem mostrado que o espectro de luz afeta o crescimento das brotações *in vitro* em espécies arbóreas nativas, como *C. legalis* e *C. fissilis* (Lerin et al., 2019; Oliveira et al., 2020). Em *C. legalis* foi verificado que a lâmpada LED com o espectro contendo luz branca, azul baixo e vermelho (LED BAbV) favoreceu o alongamento das brotações e modulou o aumento endógeno de putrescina (Put) livre, espermidina (Spd) livre e PAs livres totais e o acúmulo diferencial de proteínas (Lerin et al., 2019). Ademais, em *C. fissilis* foi observado que a lâmpada LED com a combinação de luz branca, azul médio e vermelho (LED BAmV) promoveu maior alongamento das brotações, o qual foi associado ao aumento no conteúdo endógeno de Put livre e ao acúmulo de proteínas específicas, como a argininosuccinato sintase (Oliveira et al., 2020).

2.4. Poliaminas (PAs)

As PAs são pequenas moléculas alifáticas e policatiônicas com cadeias carbônicas contendo dois ou mais grupos amino (Lenis et al., 2017; Jangra et al., 2022). Essa propriedade facilita sua interação eletrostática com macromoléculas carregadas negativamente, como DNA, RNA, fosfolipídios, componentes da parede celular e proteínas, podendo atuar na regulação da expressão gênica, na modulação de sinal, proliferação celular e na estabilização da membrana (Wallace et al., 2003; Baron and Stasolla, 2008).

A biossíntese e o catabolismo de PAs relacionam-se com várias outras moléculas, como aminoácidos, ocupando posições chave na ligação do metabolismo de nitrogênio e fixação de carbono, sendo determinantes para o crescimento de plantas (Majumdar et al., 2016). Nas plantas, as três principais PAs estudadas e associadas ao crescimento e desenvolvimento são a Put, Spd e Spm, (Jangra et al., 2022). A Put é sintetizada a partir dos aminoácidos arginina e ornitina pela ação das enzimas arginina descarboxilase (ADC) e ornitina descarboxilase (ODC), respectivamente. Para a biossíntese de Spd e Spm, são necessários grupos aminopropil provenientes do aminoácido metionina a partir da rota da S-adenosil-metionina (SAM), pela ação da SAM descarboxilase (SAMDC). Desta forma, a Spd é formada a partir da Put pela adição de um grupo aminopropil pela ação da enzima Spd sintase (SPDS) e a Spd é convertida em Spm pela adição de grupo aminopropil, pela ação da Spm sintase (SPMS). O catabolismo de Put, Spd e Spm é feito pela ação das enzimas diamina oxidase (DAO) e PA oxidase (PAO) (Kusano et al., 2008; Jangra et al., 2022).

Diversos estudos vêm mostrando a participação das PAs em vários processos essenciais para o crescimento e desenvolvimento da planta, relacionadas em distintos processos fisiológicos como organogênese (Gajula et al., 2022), embriogênese somática (Silveira et al., 2006; Santa-Catarina et al., 2007), respostas a estresses bióticos e abióticos (Liu et al., 2015), indução floral (Qin et al., 2019), senescência foliar (Tanwar et al., 2022), desenvolvimento radicular (Yousefi et al., 2019), maturação e senescência de frutos (Gao et al., 2021). Além disso, estudos com espécies arbóreas nativas têm destacado o

envolvimento das PAs no crescimento de brotações *in vitro* (Aragão et al., 2016; Aragão et al., 2017b) e na fotomorfogênese (Lerin et al., 2019; Oliveira et al., 2020).

Em *C. legalis* foi mostrado que o uso de LED combinando luz branca com azul baixo e vermelho promoveu maior crescimento das brotações comparativamente com a lâmpada fluorescente, induzindo maior acúmulo de Put livre, que por sua vez pode ter atuado no acúmulo de tubulina, proteína importante para o crescimento (Lerin et al., 2019). Similarmente, em *C. fissilis* foi observado que o uso de lâmpadas LED combinando luz branca com azul médio e vermelho promoveu o crescimento das brotações e aumentou o conteúdo endógeno de Put livre, além de modular a abundância de proteínas relevantes para esta resposta morfogênica (Oliveira et al., 2020). Devido a importância de PAs na morfogênese *in vitro*, estudos relacionados ao metabolismo e influência destas moléculas à capacidade de regeneração são relevantes para elucidar o seu envolvimento no crescimento de brotações *in vitro* em *G. integrifolia* mediante a qualidade da luz.

2.5. Proteômica de plantas

A proteômica refere-se ao estudo do proteoma, que é definido como o conjunto de proteínas expressas em uma amostra biológica em determinado ambiente e momento, sendo uma importante ferramenta para descobrir biomarcadores específicos e compreender vias biológicas (Wasinger et al., 1995; Yan et al., 2022). Assim, o proteoma reflete a expressão de proteínas que estão diretamente relacionadas com a bioquímica e o funcionamento celular, auxiliando na compreensão da resposta de plantas que estão sob diversas condições (Silva et al., 2007). Neste sentido, a análise proteômica pode contribuir na compreensão dos mecanismos moleculares que são essenciais para o crescimento e desenvolvimento das plantas bem como as interações com o ambiente (Al-Khayri et al., 2016). Estudos associados a proteômica comparativa tem mostrado que proteínas específicas são moduladas durante a morfogênese *in vitro* e podem ser utilizadas como marcadoras do crescimento e desenvolvimento (Heringer et al., 2018). Em espécies arbóreas, estudos mostram alterações no acúmulo diferencial

de proteínas associados com a fotomorfogênese *in vitro* (Lerin et al., 2019; Oliveira et al., 2020).

Em *C. legalis* (Lerin et al., 2019) as chaperoninas foram up-acumuladas em brotos cultivados sob o tratamento LED em comparação com aqueles cultivados sob o tratamento com lâmpada fluorescente, sendo essas proteínas envolvidas no dobramento de proteínas e na homeostase celular, o que pode ter promovido maior crescimento dos brotos quando mantidos sob a lâmpada LED (Lee and Tsai, 2005; Saibil, 2013; Zhang et al., 2016). Além disso, foram identificadas proteínas envolvidas na resposta ao estresse, como proteínas associadas a lipídios de plastídios, referidas como fibrilinas (FIBs), as quais foram down-acumuladas em brotos cultivados sob o LED em comparação com a lâmpada fluorescente. FIBs são proteínas associadas a tilacoides que podem se acumular sob condições de estresse biótico e abiótico, sugerindo que o menor acúmulo destas proteínas pode estar relacionado com o crescimento dos brotos quando mantidos sob a lâmpada LED (Gillet et al., 1998; Leitner-Dagan et al., 2006).

Em *C. fissilis* a maioria das proteínas diferencialmente acumuladas em brotos cultivados sob tratamento com lâmpada LED em comparação com o tratamento com lâmpada fluorescente está envolvida em respostas ao processo metabólico, ao estresse, biossíntese, modificação de proteínas celulares e respostas a processos de estímulo de luz (Oliveira et al., 2020). Proteínas relacionadas a processos metabólicos como as plastídios-lipídios (PAPs) foram down-acumuladas em brotações cultivadas sob a lâmpada LED (Oliveira et al., 2020). Proteínas PAP pertencem à família PAP/fibrilina, uma grande família de proteínas do cloroplasto (Leitner-Dagan et al., 2006), as quais têm sido associadas à modulação da eficiência fotossintética e na dissipação do excesso de energia luminosa absorvida (Monte et al., 1999). A menor abundância de proteínas PAP em brotações de *C. fissilis* cultivadas sob o tratamento com lâmpada LED pode estar relacionado ao maior crescimento dos brotos neste tratamento em comparação com brotos crescidos sob a lâmpada fluorescente (Oliveira et al., 2020). Não existem dados na literatura sobre a análise proteômica sob diferentes espectros de luz no cultivo *in vitro* de *G. integrifolia*, e estudos neste sentido podem ser importantes para aumentar a compreensão dos eventos relacionados ao crescimento dos brotos desta espécie a fim de otimizar o protocolo de propagação *in vitro*.

3. OBJETIVO

3.1. Objetivo geral

Estudar o efeito da qualidade espectral da luz sobre o desenvolvimento das brotações *in vitro* de *G. integrifolia* por meio de alterações no perfil de PAs, conteúdo dos pigmentos fotossintéticos e proteínas diferencialmente acumuladas.

3.2. Objetivos específicos

- Avaliar o efeito da qualidade de luz sobre o crescimento de brotações *in vitro* utilizando diferentes lâmpadas LED comparativamente com a lâmpada fluorescente;
- Verificar o efeito da qualidade de luz sobre alterações no conteúdo endógeno de PAs e sua relação com a fotomorfogênese.
- Verificar alterações no acúmulo diferencial de proteínas que possam estar associadas ao desenvolvimento das brotações *in vitro* sob diferentes espectros de luz;
- Analisar o conteúdo de clorofilas e carotenoides das brotações sob os diferentes espectros de luz.

4. MATERIAL E MÉTODOS

4.1. Material vegetal

Sementes maduras de *G. integrifolia* foram obtidas comercialmente do viveiro Sementes Caiçara localizado em Brejo Alegre, SP, Brasil (21°10'S e 50°10'W) e germinadas *in vitro*. Plântulas com 60 dias de idade (Figura 1A) foram utilizados como fonte de explantes de segmentos nodais apicais e cotiledonares (± 1.5 cm) (Figura 1B) para os experimentos *in vitro*.

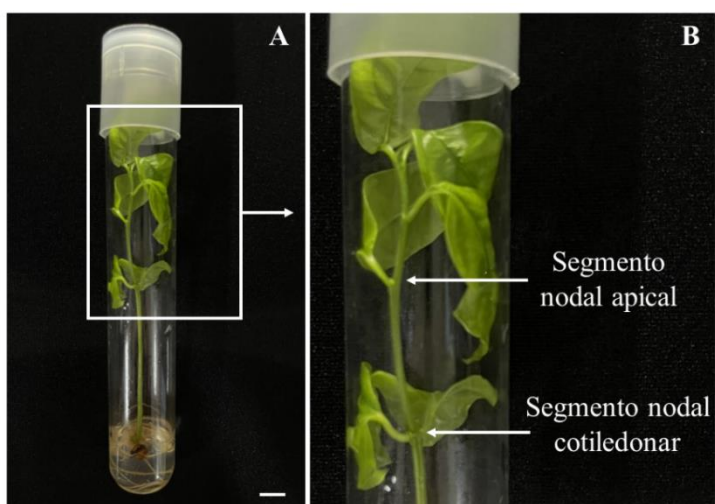


Figura 1. Aspectos morfológicos de plântulas de *Gallesia integrifolia* com sessenta dias de desenvolvidas *in vitro* no meio de cultura MS (A), indicando os segmentos nodais apicais e nodais cotiledonares utilizados como fonte de explantes (B). Barras = 1 cm.

4.2. Germinação das sementes *in vitro*

Antes da inoculação, as sementes foram desinfetadas superficialmente de acordo com Cruz (2019) e, em seguida, germinadas *in vitro* em tubos de cultura (150 x 25 mm) contendo 10 mL de meio de cultura Murashige e Skoog (MS) (Murashige and Skoog 1962) (PhytoTechnology Lab, Overland Park, EUA) suplementado com 20 g L⁻¹ de sacarose (Vetec, Rio de Janeiro, Brasil), com pH ajustado para 5,7 e solidificado com 2 g L⁻¹ de Phytigel (Sigma-Aldrich; Saint Louis, EUA). O meio de cultura foi autoclavado a 121 °C por 15 minutos. As sementes foram então incubadas por 60 dias em uma sala de crescimento sob fotoperíodo de 16 horas, com intensidade de luz de 55 μmol m⁻² s⁻¹ fornecida por lâmpadas LED (GreenPower TLED; Koninklijke Philips Electronics NV, Amsterdã, Holanda) a 25 ± 2 °C.

4.3. O espectro de luz no desenvolvimento dos brotos *in vitro*

Segmentos nodais apicais e cotiledonares (± 1,5 cm) foram inoculados em meio de cultura MS suplementado com 20 g L⁻¹ de sacarose, 0,5 μM de 6-benziladenina (BA; Sigma-Aldrich), pH ajustado para 5,7 e solidificado com 2 g L⁻¹ de Phytigel, de acordo com Cruz (2019). O meio de cultura (30 mL) foi distribuído em recipientes de cultura (capacidade de 150 mL; Apace; São Paulo, Brasil) e autoclavado a 121 °C por 15 minutos. Após a inoculação, os explantes foram mantidos em uma sala de crescimento a 25 ± 2 °C sob fotoperíodo de 16 h sob lâmpada fluorescente (tratamento controle) e três diferentes lâmpadas de LED (GreenPower TLED) com os seguintes espectros de luz: branco com azul médio (BAm); branco, azul médio e vermelho (BAmV); branco, azul médio, vermelho e vermelho distante (BAmVVd), de acordo com Oliveira et al. (2020), com modificações na intensidade de luz para 55 μmol m² s⁻¹ para todos os tratamentos.

Foram utilizadas oito repetições para cada tratamento, sendo cada repetição composta por um recipiente de cultura contendo cinco explantes, totalizando 40 explantes por tratamento. Após 60 dias, o comprimento (cm), o número de brotos por explante, a massa fresca (MF) e massa seca (MS), e os pigmentos fotossintéticos foram avaliados. Amostras (três réplicas biológicas) de brotos de segmentos nodais cotiledonares sob lâmpada fluorescente (controle) e

do tratamento com lâmpada LED que apresentou o melhor resultado para o desenvolvimento de brotos foram utilizadas para análise do conteúdo endógeno de PAs e análise da proteômica comparativa.

4.4. Análise do crescimento

A análise do crescimento foi avaliada através da massa fresca (MF) e massa seca (MS). Os brotos provenientes dos segmentos nodais apicais e cotiledonares foram obtidos e pesados em uma balança analítica de precisão (Shimadzu AUY220, Kyoto, Japão) para obter a MF (g). Em seguida, os brotos foram colocados em sacos de papel, etiquetados e mantidos em estufa a 70 °C por 72 horas. Após esse período, os brotos foram pesados para obter a MS (g).

4.5. Determinação de PAs livres

Os teores de PAs foram determinados de acordo com Santa-Catarina et al. (2006). Amostras (200 mg FM cada, em triplicata) de brotos foram maceradas com 1,2 mL de ácido perclórico a 5 % (PCA; Merck Millipore), incubadas a 4 °C por 1 hora e centrifugadas por 20 minutos a 16.000 × g e 4 °C. O sobrenadante foi coletado e as PAs livres do sobrenadante foram analisadas diretamente por dansilação com cloreto de dansil (Merck Millipore) e identificadas por cromatografia líquida de alta eficiência (HPLC; Shimadzu; Kyoto, Japão) utilizando uma coluna de fase reversa C18 de 5 µm (Shin-pack CLC ODS, Shimadzu). O gradiente da coluna HPLC foi obtido adicionando volumes crescentes de acetonitrila absoluta (Merck Millipore) a uma solução de acetonitrila aquosa a 10 % com pH ajustado para 3,5 com ácido clorídrico (Merck Millipore). A concentração de acetonitrila absoluta foi mantida em 65 % nos primeiros 10 minutos, aumentada de 65 % para 100 % entre 10 e 13 minutos e mantida em 100 % entre 13 e 21 minutos; com uma taxa de fluxo de 1 mL min⁻¹ e 40 °C. A concentração de PAs foi determinada usando um detector de fluorescência em 340 nm (excitação) e 510 nm (emissão). As áreas de pico e os tempos de retenção das amostras foram medidos por comparação com os padrões das PAs Put, Spd e Spm (Sigma-Aldrich).

4.6. Análise da proteômica comparativa

A análise da proteômica comparativa foi realizada a partir de amostras (300 mg MF cada, em triplicata) de brotações de segmentos nodais cotiledonares cultivadas sob lâmpadas de LED BAmV e lâmpadas fluorescentes (controle). As proteínas foram extraídas usando o método do ácido tricloroacético (TCA)/acetona com modificações (Damerval et al., 1986). Inicialmente, as amostras foram maceradas em pó fino com nitrogênio líquido. Em seguida, as amostras foram ressuspensas em 1 mL de tampão de extração de proteínas contendo 10 % (p/v) de TCA (Sigma-Aldrich) em acetona com 20 mM de ditioneitol (DTT; GE Healthcare, Piscataway, EUA) e agitadas em vórtex por 5 minutos a 8 °C. Em seguida, as amostras foram mantidas a -20 °C por 1 hora antes de serem centrifugadas a 16.000 x g por 20 minutos a 4 °C. Os pellets resultantes foram lavados três vezes com acetona fria contendo 20 mM de DTT e centrifugados por 5 minutos. Os pellets foram secos ao ar, ressuspensos em um tampão contendo 7 M de ureia (GE Healthcare), 2 M de tiourea (GE Healthcare), 2 % de Triton X-100 (GE Healthcare), 1 % de DTT (GE Healthcare) e 1 mM de fluoreto de fenilmetanosulfonil (PMSF; Sigma-Aldrich), agitados em vórtex e incubados em gelo por 30 minutos. Após a incubação, as amostras foram centrifugadas a 16.000 x g por 20 minutos a 4 °C. Os sobrenadantes contendo as proteínas totais foram coletados e a concentração de proteínas foi medida usando o 2-D QuantKit (GE Healthcare).

Antes da etapa de digestão com tripsina, as amostras de proteínas foram precipitadas utilizando a metodologia de metanol/clorofórmio (Nanjo et al., 2012). Após a precipitação das proteínas, as amostras foram ressuspensas em uma solução de 7 M de ureia/2 M de tiourea. Alíquotas de 100 µg de proteína foram submetidas à digestão com tripsina utilizando a metodologia de preparação de amostra auxiliada por filtro (FASP) (Reis et al., 2021). Em seguida, os peptídeos foram ressuspensos em 100 µL de solução contendo 95 % de bicarbonato de amônio 50 mM, 5 % de acetonitrila e 0,1 % de ácido fórmico e quantificados por uma metodologia de proteína e peptídeo em 205 nm utilizando um espectrofotômetro NanoDrop 2000c (Thermo Fisher Scientific, Waltham, Massachusetts, EUA). As amostras foram transferidas para Total Recovery Vials (Waters Manchester, Reino Unido) para análise em espectrometria de massas.

Para a análise em espectrometria de massas, foi utilizado um sistema nanoAcquity UPLC conectado a um espectrômetro de massas Synapt G2-Si HDMS (Waters, Manchester, Reino Unido) para análise por espectrometria de massas em tandem com eletrospray-cromatografia líquida (nanoESI-LC-MS/MS). Durante a separação, 1 µg de proteínas digeridas de cada amostra foi carregado em uma coluna-trap C18 nano-Acquity UPLC de 5 µm (180 µm × 20 mm; Waters) a 5 µL min⁻¹ por 3 minutos e, em seguida, em uma coluna analítica de fase reversa nano-Acquity HSS T3 de 1,8 µm (75 µm × 150 mm; Waters) a 400 nL min⁻¹, com uma temperatura da coluna de 45 °C. Um gradiente binário foi usado para a eluição dos peptídeos: a fase móvel A consistia em água (Tedia; Fairfield, EUA) e 0,1 % de ácido fórmico (Sigma-Aldrich), e a fase móvel B consistiu de acetonitrila (Sigma-Aldrich) e 0,1 % de ácido fórmico. A eluição do gradiente foi realizada sequencialmente da seguinte forma: começa com 7 % B, aumentando de 7 para 40 % B até 91,12 minutos, de 40 para 99,9 % B até 92,72 minutos, mantido em 99,9 % B até 106 minutos, diminuiu para 7 % B até 106,1 minutos e mantido em 7 % B até o final da corrida aos 120 minutos. A espectrometria de massas foi realizada em modo positivo e resolução (modo V) a 35.000 FWHM com separação por mobilidade iônica (IMS) e no modo de aquisição de dados independente (DIA) (HDMSE). A IMS foi realizada com uma velocidade de onda de 600 m s⁻¹ e um fluxo de gás hélio e IMS de 180 e 90 mL min⁻¹, respectivamente. A energia de colisão de transferência aumentou de 19 a 55 V no modo de alta energia, com tensões de cone e capilar de 30 e 2750 V, respectivamente, e uma temperatura da fonte de 70 °C. Em relação aos parâmetros do tempo de voo (TOF), o tempo de varredura foi configurado para 0,5 s em modo contínuo com uma faixa de massa de 50 a 2000 Da. Foi utilizado [Glu1]-fibrinopeptídeo B humano (Sigma-Aldrich) a 100 fmol µL⁻¹ como padrão externo, e aquisição de massa de referência foi realizada a cada 30 segundos. A aquisição espectral de massa foi realizada por 90 minutos usando o software MassLynx versão 4.1.

O processamento dos espectros e as condições de busca no banco de dados foram realizados usando o software ProteinLynx Global Server (PLGS) versão 3.0.2 (Waters). O PLGS foi processado com os seguintes parâmetros: um limite de energia baixo de 150 contagens para Apex3D, um limite de energia elevado de 50 contagens e um limite de intensidade de 750 contagens; duas

clivagens perdidas; um mínimo de três íons de fragmento por peptídeo; um mínimo de sete íons de fragmento por proteína; um mínimo de dois peptídeos por proteína; modificações fixas de carbamidometil (C) e modificações variáveis de oxidação (M) e fosforilação (STY); e uma taxa de descoberta falsa (FDR) padrão definida para um máximo de 1 %. Para a identificação de proteínas foi utilizado o banco de dados de proteínas de *Abrus precatorius* L. (<http://www.uniprot.org>), com ID UP000694853.

A análise de quantificação *label-free* foi realizada usando o software ISOQuant workflow versão 1.7 (Distler et al., 2014). Resumidamente, os seguintes parâmetros foram usados para identificar proteínas: uma taxa de falsa descoberta (FDR) de 1 %, uma pontuação de peptídeo maior que seis, um comprimento mínimo de peptídeo de seis aminoácidos e pelo menos dois peptídeos por proteína foram considerados para quantificação sem rótulo usando a abordagem TOP3, seguida pelo processo multidimensional normalizado dentro do ISOQuant. Os dados de proteômica da espectrometria de massas foram depositados no ProteomeXchange Consortium via PRIDE (Perez-Riverol et al., 2022). Para garantir a qualidade dos resultados após o processamento dos dados, apenas as proteínas que estavam presentes ou ausentes (para proteínas únicas) em todas as três réplicas biológicas foram consideradas para a análise do acúmulo diferencial de proteínas (DAP). Os dados foram analisados usando o teste t de Student (bilateral). Proteínas com ANOVA ($P < 0,05$) foram consideradas up-acumuladas se o valor \log_2 fold change (FC) fosse maior que 0,60 e down-acumuladas se o valor \log_2 se o FC fosse menor que -0,60. As anotações funcionais foram realizadas usando os softwares OmicsBox versão 1.0.34 e UniProtKB (<http://www.uniprot.org>). As redes de interação preditas de DAPs foram construídas, com confiança $> 0,9$, usando homólogos de *A. precatorius* identificados por meio de uma busca STRING seguida de análise downstream no Cytoscape (versão 3.9) (Szklarczyk et al., 2021).

4.7. Pigmentos fotossintéticos

O conteúdo de clorofilas (Chl) *a* e *b*, e dos carotenoides foi realizado de acordo com a metodologia descrita por Linder (1974). Amostras (0,2 g MF) em três réplicas biológicas foram colocadas em tubos de ensaio contendo 10 mL de

acetona a 80 % e incubadas no escuro por 24 horas a 3 °C. A densidade óptica foi medida usando um leitor de ELISA Microplate (Molecular Devices VersaMax, EUA) a 470 nm para carotenoides, 663 nm para *Chl a* e 645 nm para *Chl b*. O conteúdo de cada pigmento foi calculado usando as seguintes equações, de acordo com Holm (1954):

$$\text{Chl } a \text{ (mg g}^{-1} \text{ MF)} = (12,72 \text{ OD}_{663} - 2,59 \text{ OD}_{645}) - V/1000 \text{ W}$$

$$\text{Chl } b \text{ (mg g}^{-1} \text{ MF)} = (22,88 \text{ OD}_{645} - 4,67 \text{ OD}_{663}) - V/1000 \text{ W}$$

$$\text{Carotenoids (mg g}^{-1} \text{ MF)} = (1000 \text{ OD}_{470} - 3,27 \text{ Chl } a - 104 \text{ Chl } b) V/(229 \times 1000 \text{ W})$$

onde V é o volume total do extrato (mL) e W é a MF (g) da amostra.

4.8. Análise do rendimento quântico máximo do fotossistema II (Fv/Fm)

Para a avaliação da eficiência fotoquímica, o rendimento quântico máximo do fotossistema II (PSII) (Fv/Fm) foi realizado na folha mais desenvolvida das brotações por meio de um fluorímetro não modulado Pocket PEA Chlorophyll Fluorimeter (Hansatech Instruments Ltda; Kings Lynn, Norfolk, Inglaterra). *Leaf-clips* foram utilizados nas folhas por 30 minutos para adaptação ao escuro. Essa adaptação foi realizada para que os centros de reação estivessem completamente abertos com perda mínima de calor. Após a adaptação, um pulso de luz saturante de 3500 $\mu\text{mol m}^2 \text{s}^{-1}$ foi aplicado usando três LEDs com comprimento de onda de 650 nm. Para esta análise, foram utilizadas cinco repetições para cada tratamento.

4.9. Análise histomorfológica

As folhas mais desenvolvidas (segunda folha) dos brotos cultivados sob lâmpadas fluorescentes e LED BAmV foram fixadas em FAA₅₀ (formaldeído, ácido acético, álcool etílico; 1:1:18 v/v) de acordo com Johansen (1940). As amostras foram então desidratadas com uma série crescente de etanol (60, 70, 80, 90 e 100 %) por 1 hora cada. Em seguida, as amostras foram infiltradas em Histo-resina 1:1 (v/v) (Leica; Heidelberg, Alemanha) e etanol 100 % (Merck

Millipore; Darmstadt, Alemanha) por 12 horas, seguido por Histoiresina 100 % por 24 horas e endurecidas em Histoiresina 100 %. Cortes (5 μ m) foram obtidos em um micrótomo (Leica), montados em lâminas (marca Sail; Zhejiang, China) e corados com solução aquosa de azul de toluidina 1 % (Synth). Os cortes foram observados em um microscópio AxioImager M2 (Carl Zeiss; Oberkochen, Alemanha) com o programa AxioVision 4.8 (Carl Zeiss). Imagens foram obtidas com uma câmera AxioCam MR3 (Carl Zeiss) acoplada ao equipamento.

4.10. Análise estatística

O delineamento experimental foi inteiramente casualizado. Os dados foram analisados utilizando análise de variância (ANOVA) ($P < 0,05$), seguida pelo teste Student-Newman-Keuls (SNK) (Sokal and Rohlf, 1995) utilizando o software R (R Core Team 2018).

5. RESULTADOS

5.1. Diferentes tipos de luz no desenvolvimento dos brotos *in vitro*

O uso de diferentes lâmpadas de LED em comparação com a lâmpada fluorescente mostrou efeito significativo no desenvolvimento de brotos de *G. integrifolia* (Figura 2). Os brotos mais longos foram obtidos nos tratamentos com lâmpadas de LED BAmV proveniente de ambos os tipos de explantes utilizados, segmentos nodais cotiledonares e apicais, enquanto brotos menores foram observados no tratamento com a lâmpada fluorescente (Figura 2A). O número de brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares foi maior em comparação com brotos provenientes de segmentos nodais apical em todos os tratamentos testados (Figura 2B).

A fonte de luz afetou os aspectos morfológicos dos brotos de *G. integrifolia* provenientes de segmentos nodais cotiledonares e apicais, demonstrando maior comprimento dos brotos quando incubados sob a lâmpada de LED BAmV em comparação com os brotos crescidos sob a lâmpada fluorescente (Figura 3).

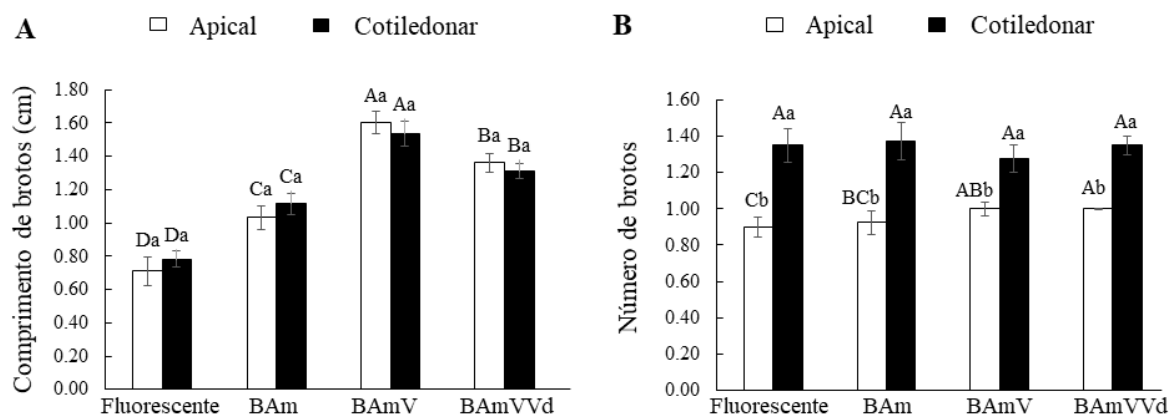


Figura 2. Crescimento *in vitro* de brotos de *G. integrifolia* sob diferentes tratamentos de lâmpada. Comprimento (A) e número (B) dos brotos obtidos a partir de segmentos nodais cotiledonares e apicais após 60 dias de incubação. BAm: branco e azul médio, BAmV: branco, azul médio e vermelho, BAmVVd: branco, médio azul, vermelho e vermelho distante. Letras maiúsculas indicam diferenças significativas de acordo com o tipo de explante (segmento nodal cotiledonar ou apical) nos diferentes tratamentos de lâmpadas. Letras minúsculas representam diferenças significativas entre os dois tipos de explantes (segmento cotiledonar e apical nodal) no mesmo tratamento de lâmpadas. Médias seguidas por letras diferentes são significativamente diferentes ($P < 0,05$) de acordo com o teste SNK. ($n = 8$, CV do comprimento = 15,32 %; CV do número = 16,41 %).

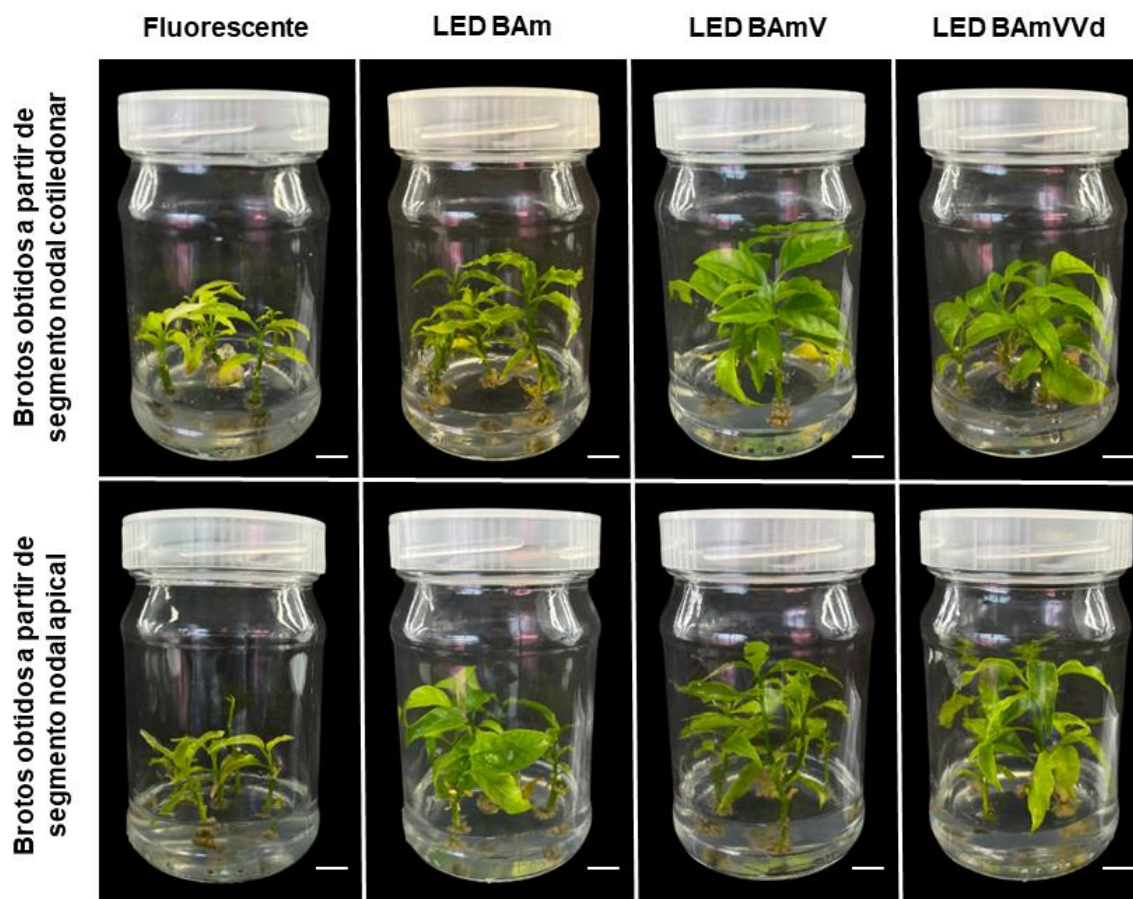


Figura 3. Aspectos morfológicos de brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares e apicais de *G. integrifolia* após 60 dias de incubação sob lâmpadas fluorescente e LED. BAm: branco e azul médio, BAmV: branco, azul médio e vermelho, BAmVVd: branco, médio azul, vermelho e vermelho distante. Barras = 1 cm.

A MF e a MS dos brotos também apresentaram diferença sob os diferentes tratamentos de lâmpadas (Figura 4). Os menores valores de MF e MS foram observados nos brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares e apicais mantidos *in vitro* sob lâmpada fluorescente (Figura 4). Maior MF e MS foram observados nos brotos incubados em todas as lâmpadas LED testadas em comparação com a lâmpada fluorescente (Figura 4). Entre os tratamentos com lâmpadas LED, os brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares mantidos sob a lâmpada LED BAmVVd apresentaram os melhores resultados para MF e DMS, os quais não diferiram significativamente da MF e MS dos brotos mantidos sob a lâmpada LED BAmV (Figura 4).

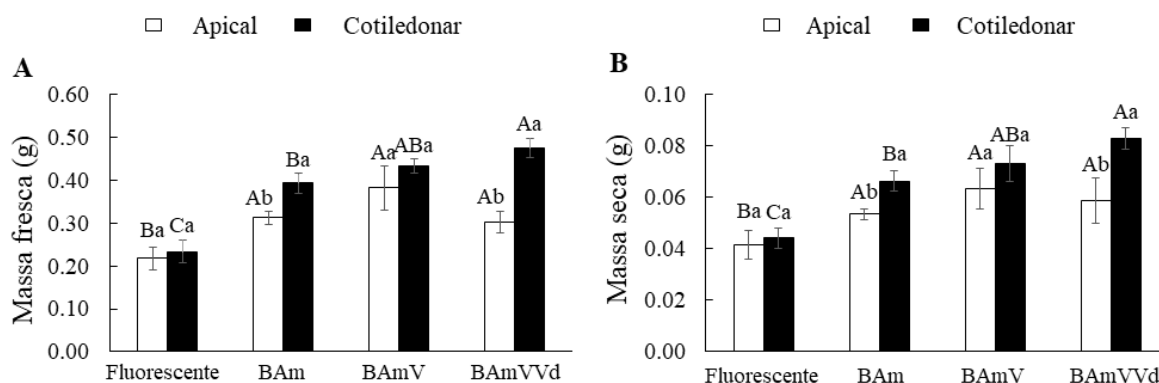


Figura 4. MF (A) e MS (B) de brotos crescidos *in vitro* de *G. integrifolia* após 60 dias de incubação sob diferentes tratamentos de lâmpadas LED e lâmpadas fluorescente (controle). Letras maiúsculas indicam diferenças significativas para o tipo de explante (segmento nodal cotiledonar ou apical) nos diferentes tratamentos de lâmpadas. BAm: branco e azul médio, BAmV: branco, azul médio e vermelho, BAmVVd: branco, médio azul, vermelho e vermelho distante. Letras minúsculas indicam diferenças significativas entre os dois tipos de explantes (segmento nodal cotiledonar e apical) no mesmo tratamento de lâmpadas. Médias seguidas por letras diferentes são significativamente diferentes para cada tratamento ($P < 0,05$) de acordo com o teste SNK. ($n = 5$, CV da MF = 18,72 %, CV da MS = 21,85 %).

5.2. Conteúdo de PAs livres em brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares sob diferentes tipos de luz.

As PAs livres foram quantificadas em brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares com 60 dias incubados sob as lâmpadas LED BAmV e fluorescente (tratamento controle). O conteúdo de Put e de PAs livres totais foi significativamente maior quando os brotos foram crescidos sob a lâmpada LED BAmV em comparação com o controle (Figuras 5A e 5D). Os conteúdos de Spd livre e Spm livre (Figura 5C) não apresentaram diferença entre os tratamentos.

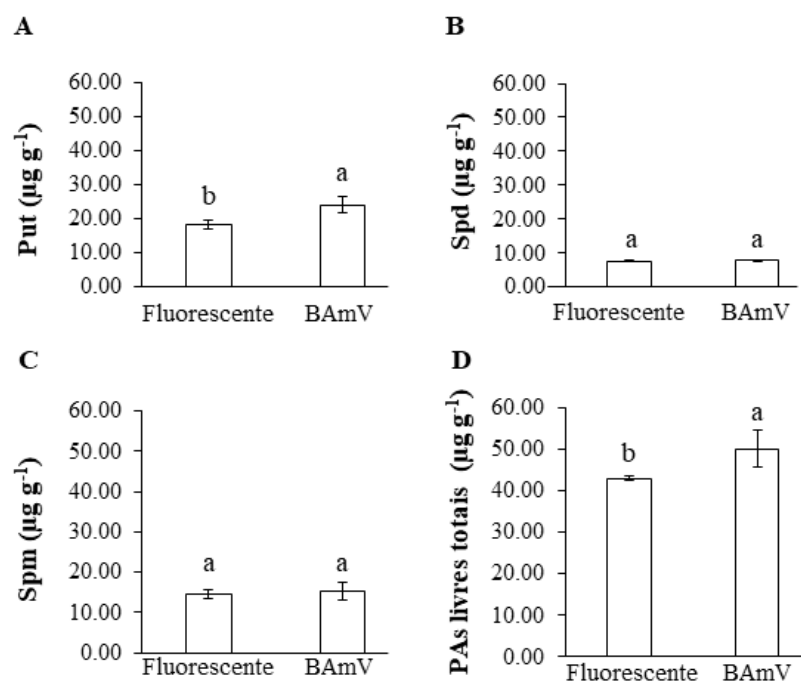


Figura 5. Conteúdos endógenos ($\mu\text{g g}^{-1}$ MF) de Put (A), Spd (B), Spm (C) e Poliaminas livres totais (D) em brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares de *G. integrifolia* aos 60 dias de crescimento *in vitro* sob os tratamentos com a lâmpada LED BAmV e lâmpada fluorescente. BAmV: branco, azul médio e vermelho. Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente de acordo com o teste SNK ($P < 0,05$). ($n = 3$; CV de Put = 9,05 %, CV de Spd = 3,13 %, CV de Spm = 11,85 %, CV de Poliaminas livres totais = 6,72 %).

5.3. Acúmulo diferencial de proteínas durante o desenvolvimento de brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares sob diferentes espectros de luz.

A análise da proteômica comparativa foi realizada utilizando amostras de brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares incubados sob a lâmpada LED BAmV e sob a lâmpada fluorescente. Um total de 312 proteínas foram identificadas, delas 39 foram DAPs e 273 unchanged (Figura 6B; Tabela Suplementar 1).

Dentre as 39 DAPs, 26 foram up-acumuladas e 13 down-acumuladas. Três proteínas foram únicas dos brotos crescidos sob o tratamento com a lâmpada LED BAmV e quatro proteínas foram únicas dos brotos crescidos sob a lâmpada fluorescente (Figura 6A).

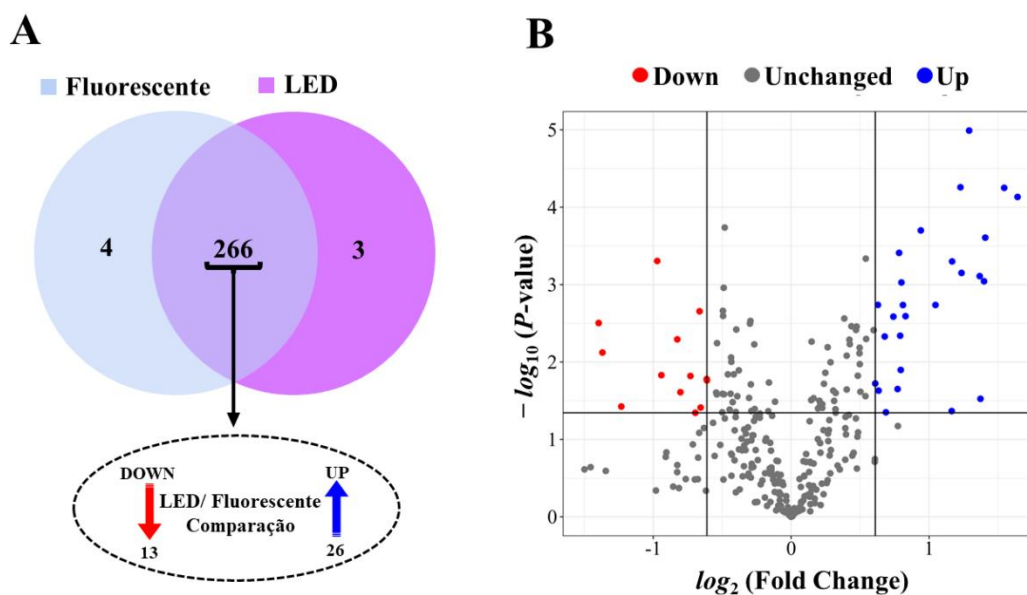


Figura 6. Diagrama de Venn das proteínas identificadas no banco de dados de *G. integrifolia* comparando os brotos cultivados sob os tratamentos com a lâmpada LED BAmV e lâmpada fluorescente (A) e Gráfico de Volcano plot das proteínas diferencialmente acumuladas (DAPs) identificadas na comparação LED/fluorescente (B). Proteínas com resultados significativos no teste t de Student (bilateral; $P < 0,05$) foram consideradas DAPs, considerando up-acumuladas se o \log_2 fold change (FC) foi maior do que 0,6 e down-acumuladas se o \log_2 FC foi menor do que -0,6.

Para investigar a interação dessas DAPs, realizamos uma rede de interação proteína-proteína (Figura 7). Uma grande proporção de DAPs interagiu com várias vias metabólicas. Proteínas envolvidas em processos de fotossíntese, como proteínas do complexo antena, metabolismo de carbono, biossíntese de metabólitos secundários, ciclo do citrato (ciclo do TCA), fotossíntese, glicólise/gluconeogênese, via da pentose fosfato, biossíntese de aminoácidos, metabolismo do glicoxilato e dicarboxilato, metabolismo de ácido 2-oxocarboxílico e fosforilação oxidativa (Figura 7). Entre as interações proteína-proteína nas vias metabólicas, algumas foram destacadas e discutidas em relação aos processos associados ao desenvolvimento dos brotos.

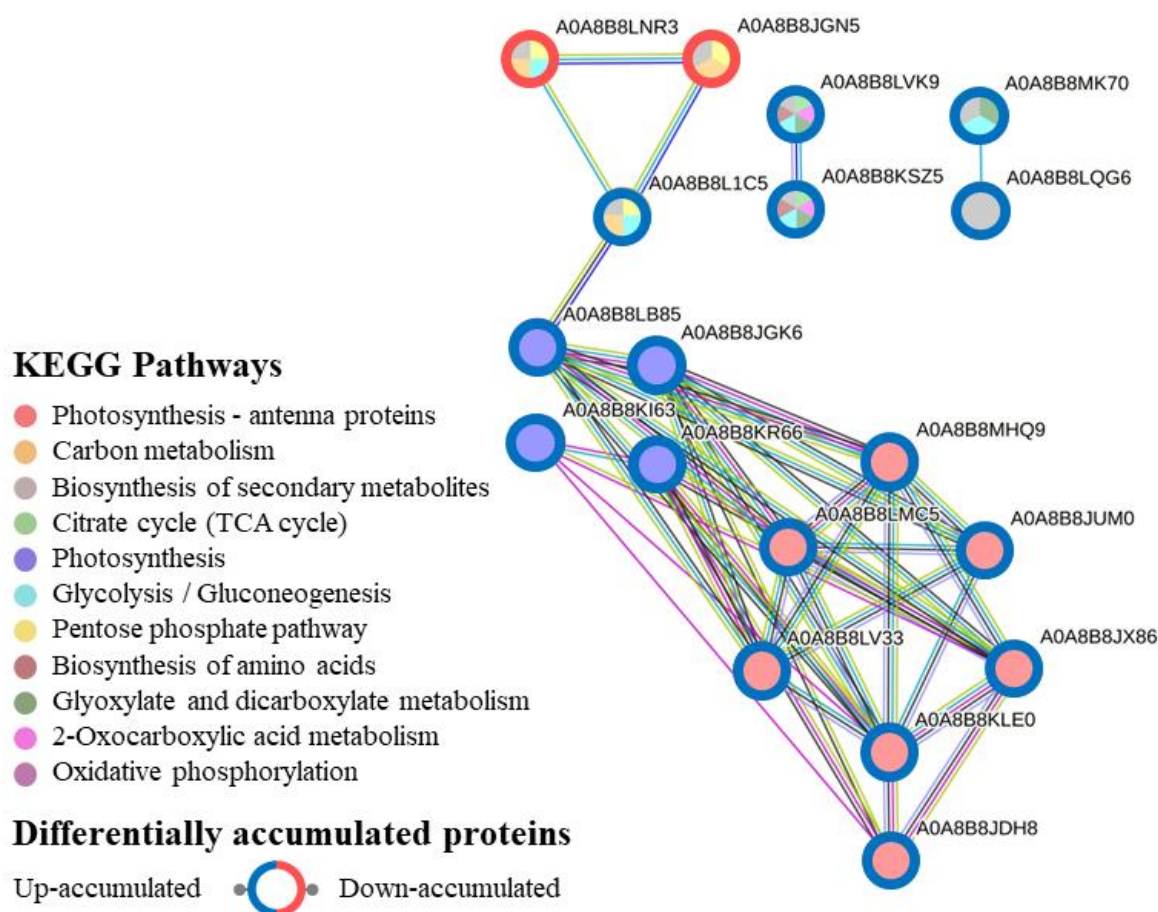


Figura 7. Rede de interação proteína-proteína entre DAPs com papéis putativos na comparação entre lâmpada LED BAmV e lâmpada fluorescente. A visualização da rede resume as interações previstas para um grupo específico de proteínas. Observação: Os círculos 'nós' representam proteínas. Os círculos coloridos em azul e vermelho ao redor das proteínas representam proteínas up- e down-accumuladas, respectivamente. Apenas os primeiros vizinhos são mostrados nas interações. Todas as interações previstas na rede tinham confiança > 0,9 de acordo com a pontuação combinada do STRING. Cores diferentes indicam diferentes proteínas de acordo com a via KEGG. A linha reta mostra a interação entre as proteínas. As linhas representam a existência dos sete tipos de evidências usadas na previsão das associações. Linha vermelha - indica a presença de evidências de fusão; Linha verde - evidência de vizinhança; Linha azul - evidência de co-ocorrência; Linha roxa - evidência experimental; Linha amarela - evidência de mineração de texto; Linha azul claro - evidência de banco de dados; Linha preta - evidência de co-expressão.

Entre as proteínas relacionadas ao processo de fotossíntese, as proteínas photosystem II 47 kDa (A0A8B8KI63), oxygen-evolving enhancer 1 (OEE1) (A0A8B8KR66), photosystem I reaction center subunit III (A0A8B8LB85) e photosystem I reaction center subunit V (A0A8B8JGK6) interagem e foram up-

acumuladas em brotos crescidos sob a lâmpada LED BAmV em comparação com os brotos crescidos sob a lâmpada fluorescente.

As proteínas do complexo de antena envolvidas na fotossíntese, como chlorophyll a/b-binding 6A (A0A8B8LMC5), 7 (A0A8B8JUM0), 8 (A0A8B8MHQ9), 13 (A0A8B8KLE0), CP24 10A (A0A8B8JDH8), CP26 (A0A8B8LV33) e CP29.2 (A0A8B8JX86), interagiram e foram up-acumuladas em brotos crescidos sob a lâmpada de LED BAmV em comparação com os brotos crescidos sob a lâmpada fluorescente.

As proteínas relacionadas ao ciclo do ácido tricarboxílico (TCA), também conhecido como ciclo de Krebs ou ciclo do ácido cítrico, foram up-acumuladas em em brotos sob a lâmpada de LED BAmV em comparação com o tratamento sob lâmpada fluorescente, sendo elas a aconitate hydratase (A0A8B8KSZ5) e a aconitate hydratase 1 (A0A8B8LVK9).

5.4. Análises fisiológicas dos brotos sob diferentes espectros de luz.

A qualidade espectral da luz afetou significativamente o conteúdo de clorofilas e carotenoides nos brotos de *G. integrifolia*. Os brotos cultivados em todos os tratamentos com as lâmpadas LED apresentaram maior conteúdo de clorofilas e carotenoides em comparação com os brotos cultivados sob o tratamento com a lâmpada fluorescente (Figura 8).

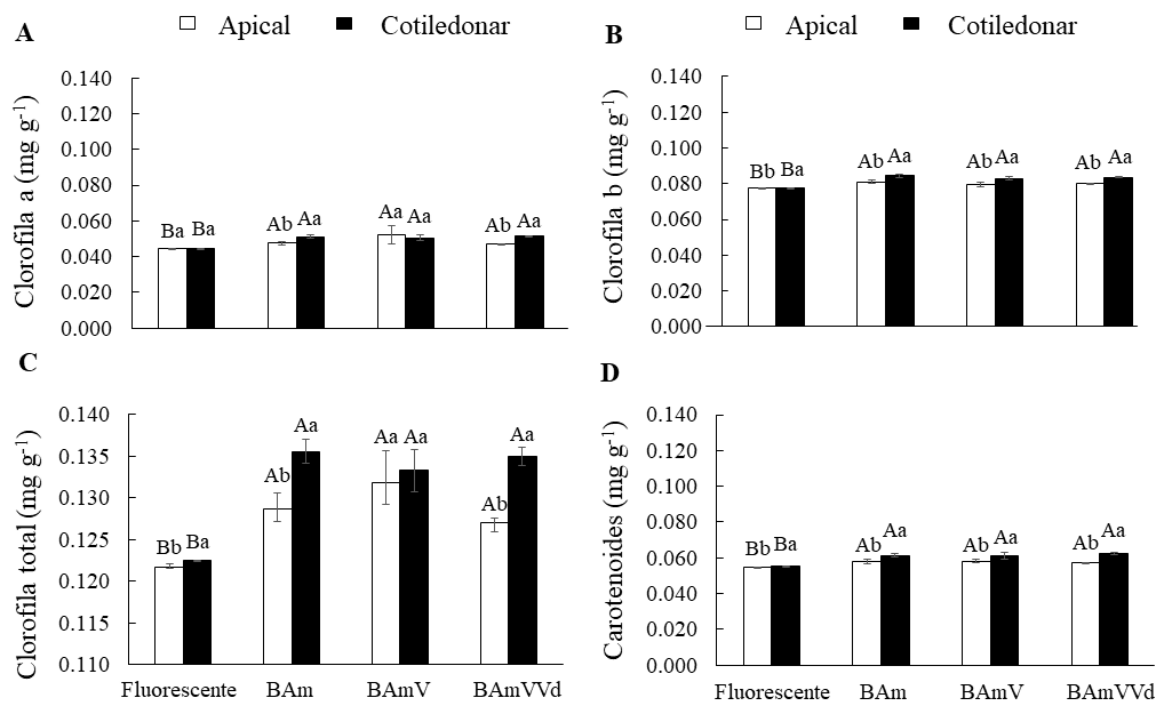


Figura 8. Conteúdo de clorofila a (A), clorofila b (B), clorofila total (C) e carotenoides (D) em brotos de *G. integrifolia* obtidos a partir de segmentos nodais cotiledonares e apicais após 60 dias de incubação em diferentes tratamentos de lâmpadas. BAm: branco e azul médio, BAmV: branco, azul médio e vermelho, BAmVVd: branco, médio azul, vermelho e vermelho distante. Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente de acordo com o teste SNK ($P < 0,05$). Letras maiúsculas indicam diferenças significativas de acordo com o tipo de explante (segmento nodal cotiledonar ou apical) nos diferentes tratamentos de lâmpadas. Letras minúsculas representam diferenças significativas entre os dois tipos de explantes (segmento nodal cotiledonar e apical) no mesmo tratamento de lâmpadas. ($n = 3$; CV clorofila a = 6,75 %, CV clorofila b = 1,5 %, CV clorofila total = 2,53 %, CV Carotenoides = 2,73 %).

O conteúdo de clorofila a foi maior nos brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares cultivados sob as lâmpadas de LED BAm e BAmVVd em comparação com os brotos provenientes de segmentos nodais apicais (Figura 8A). No entanto, o conteúdo de clorofila a não diferiu nos brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares e apicais quando mantidos sob as lâmpadas fluorescente e BAmV (Figura 8A). O conteúdo total de clorofila não diferiu nos brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares e apicais quando cultivados sob a lâmpada BAmV (Figura 8C). Adicionalmente, o conteúdo de clorofila b e carotenoides foi maior nos brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares em comparação com os brotos provenientes de segmentos nodais apicais em todos os tratamentos de lâmpadas (Figuras 8B e 8D).

Além disso, a qualidade espectral da luz afetou significativamente a relação Fv/Fm de brotos de *G. integrifolia* crescidos *in vitro* (Figura 9). Os brotos cultivados em todos os tratamentos com lâmpadas de LED apresentaram maior relação Fv/Fm em comparação com os brotos cultivados sob o tratamento da lâmpada fluorescente (Figura 9).

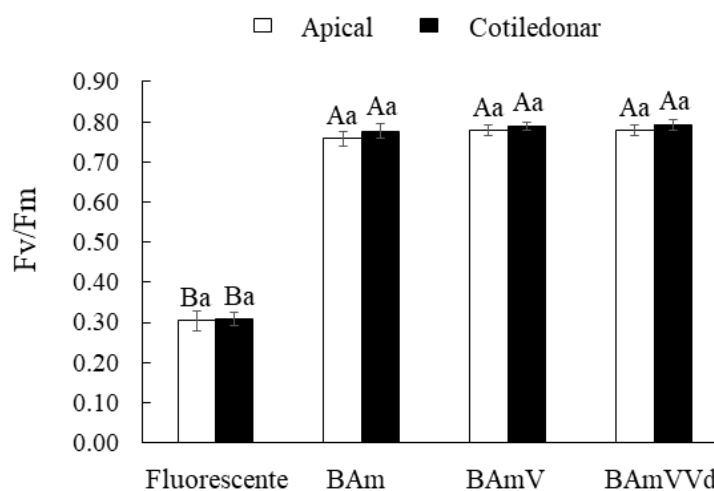


Figura 9. Razão Fv/Fm em brotos de *G. integrifolia* provenientes a partir de segmentos nodais cotiledonares e apicais após 60 dias de incubação em diferentes tratamentos de lâmpadas. BAm: branco e azul médio, BAmV: branco, azul médio e vermelho, BAmVVd: branco, médio azul, vermelho e vermelho distante. Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente de acordo com o teste SNK ($P < 0,05$). Letras maiúsculas indicam diferenças significativas de acordo com o tipo de explante (segmento nodal cotiledonar ou apical) nos diferentes tratamentos de lâmpadas. Letras minúsculas representam diferenças significativas entre os dois tipos de explantes (segmento nodal cotiledonar e apical) no mesmo tratamento de lâmpadas. ($n = 5$; CV Fv/Fm = 6,92 %).

5.5. Anatomia foliar sob diferentes espectros de luz.

A anatomia foliar dos brotos provenientes de segmentos nodais cotiledonares mostrou diferença em alguns parâmetros analisados comparando brotos crescidos sob lâmpada LED BAmV e lâmpada fluorescente (Figura 10). A espessura do parênquima paliçádico e do parênquima esponjoso apresentaram diferenças (Figura 11). O parênquima paliçádico foi mais espesso quando os brotos foram incubados sob a lâmpada fluorescente (Figuras 10C e 10A) e o parênquima esponjoso foi mais espesso em brotos incubados na lâmpada (Figuras 10D e 10B). Para as variáveis espessura da folha (Figura 10A), espessura do mesofilo (Figura 10B), epiderme adaxial (Figura 10E), epiderme

abaxial (Figura 10F), cutícula adaxial (Figura 10G) e cutícula abaxial (Figura 10H), não houve diferença estatística.

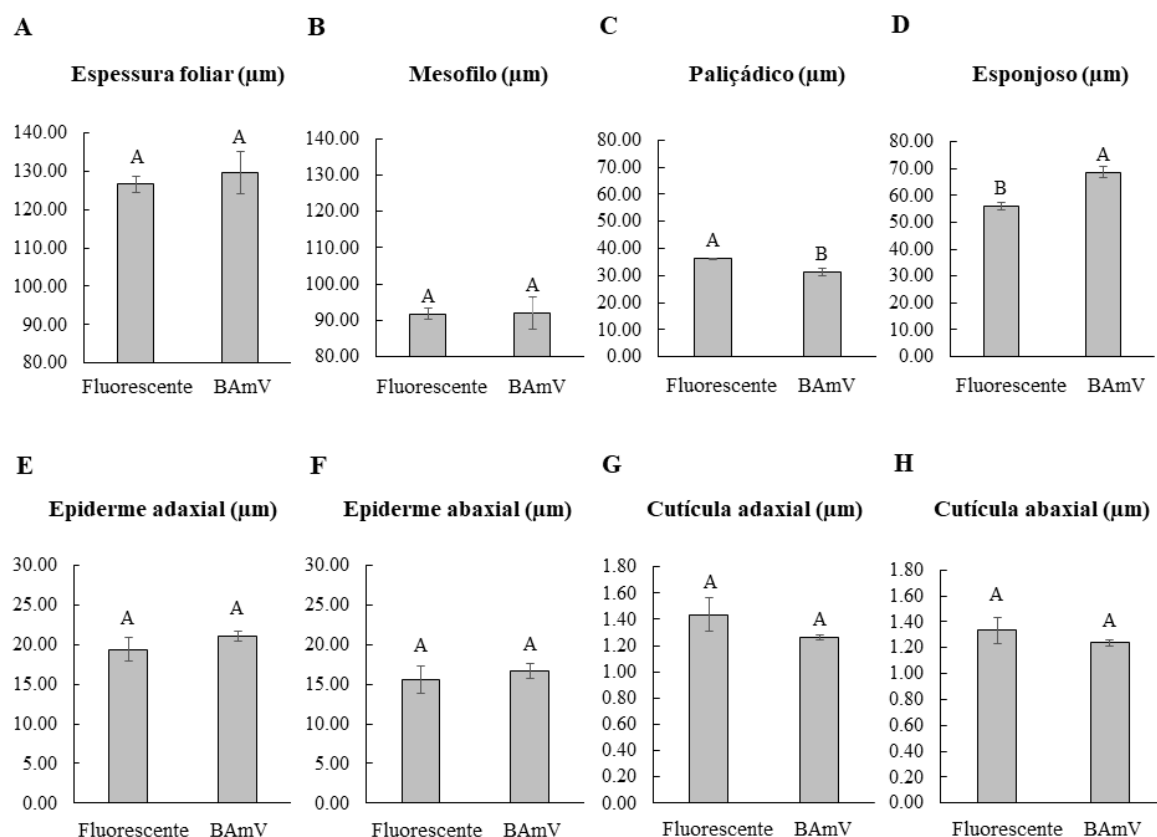


Figura 10. Espessura foliar (A), espessura do mesofilo (B), espessura do parênquima paliçádico (C), espessura do parênquima esponjoso (D), epiderme adaxial (E), epiderme abaxial (F), cutícula adaxial (G) e cutícula abaxial (H) de brotos de *G. integrifolia* obtidos a partir de segmentos nodais cotiledonares cultivados sob lâmpada fluorescente e lâmpada LED BAmV. BAmV: branco, azul médio e vermelho. Médias seguidas pela mesma letra não diferem estatisticamente de acordo com o teste SNK ($P < 0,05$). ($n = 3$; CV espessura foliar = 5,64 %, CV espessura do mesofilo = 6,21 %, CV espessura do parênquima paliçádico = 4,62 %, CV espessura do parênquima esponjoso = 4,69 %, CV epiderme adaxial = 9,79 %, CV epiderme abaxial = 15,16 %, CV cutícula adaxial = 11,93 %, CV cutícula abaxial = 9,7 %).

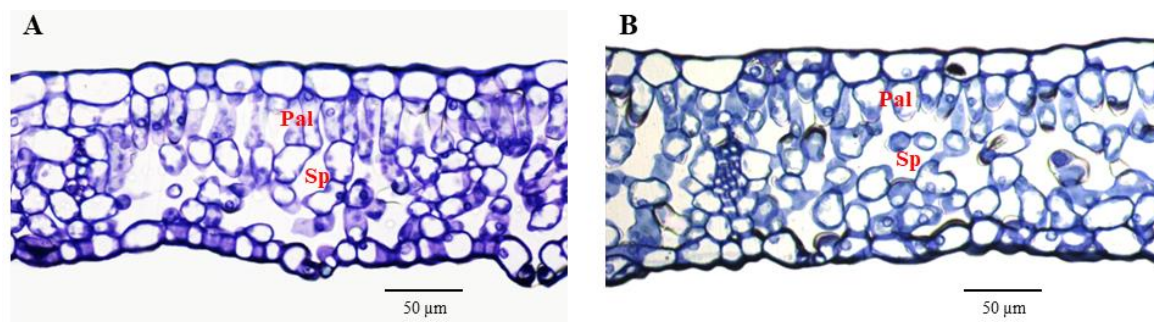


Figura 11. Aspectos histomorfológicos de folhas de brotos de *G. integrifolia* cultivados *in vitro* sob lâmpadas fluorescente (A) e lâmpadas LED BAMV (B). Pal: parênquima paliçádico; Sp: parênquima esponjoso. Barras = 50 μm .

6. DISCUSSÃO

A qualidade espectral da luz afetou o desenvolvimento das brotações de *G. integrifolia*. Brotações provenientes de segmentos nodais cotiledonares e apicais apresentaram o maior comprimento das brotações quando mantidas sob a lâmpada LED BAmV. Similarmente ao nosso estudo, a lâmpada LED BAmV também promoveu o maior comprimento das brotações de *C. fissilis in vitro* (Oliveira et al., 2020). Sabe-se que a fotossíntese é fortemente influenciada pela combinação de luz azul e vermelha produzida por lâmpadas LED, uma vez que esses comprimentos de onda entre 400 e 700 nm são as principais fontes de energia para a assimilação de CO₂ nas plantas durante a fotossíntese (He et al., 2020). A luz azul influencia o crescimento das plantas, área foliar, abertura estomática, biossíntese de clorofila, realocação de cloroplastos e aumenta a atividade fotossintética (Wang et al., 2015; Zheng et al., 2019). Além disso, a luz vermelha está envolvida no alongamento das plantas, no número de raízes e no acúmulo de biomassa (Yu et al., 2020; Gnasekaran et al., 2021).

Além das clorofilas que participam diretamente da fotossíntese, as plantas possuem outros fotorreceptores. Esses fotorreceptores captam a luz em diferentes comprimentos de onda e a traduzem em respostas bioquímicas e biológicas capazes de regular o crescimento e desenvolvimento das plantas (Cavallaro et al., 2022). Os fitocromos monitoram as regiões de luz vermelha (V, 600–700 nm) e vermelho distante (VD, 700–750 nm), criptocromos, fototropinas e

membros da família Zeitrlope percebem a região de comprimento de onda da luz que vai do UV-A ao azul (A, 320–500 nm), e o Locus de Resistência ao UV 8 (UVR8) monitora comprimentos de onda ultravioleta B (UV-B, 280–320 nm) (Choi et al., 2023). Assim, a combinação de luz branca, azul e vermelha das lâmpadas LED pode ter promovido maior crescimento das brotações de *G. integrifolia*, demonstrando que a qualidade espectral da luz influencia fortemente a fotomorfogênese *in vitro*.

A luz fornecida pela lâmpada LED BAmV afetou o conteúdo endógeno de PA em *G. integrifolia*, apresentando maior conteúdo de Put livre e PAs livres totais em comparação com as brotações mantidas sob uma lâmpada fluorescente. Similarmente aos nossos resultados, também foi verificado maior conteúdo de Put em brotações cultivadas *in vitro* sob a lâmpada LED em outras espécies de árvores, como *C. legalis* (Lerin et al., 2019) e *C. fissilis* (Oliveira et al., 2020). Alguns estudos demonstraram que o Put estimula a divisão celular e o crescimento das brotações *in vitro* (Kuznetsov et al., 2002; Aragão et al., 2017b), uma vez que a Put pode induzir a transição de fase celular de G1/S para G2/M (Weiger and Hermann, 2014). De acordo com Ioannidis et al. (2011), a Put é um estimulador eficiente da síntese de ATP, demonstrando que a Put pode aumentar a utilização de energia luminosa por meio do estímulo da fotofosforilação. Além disso, a aplicação exógena de PAs demonstrou melhor crescimento, níveis aumentados de pigmentos fotossintéticos, proteínas e enzimas Rubisco, e melhorou a ultraestrutura dos cloroplastos e a atividade fotossintética em trigo sob estresse por seca (Hassan et al., 2020). De maneira geral, as PAs desempenham um papel vital no crescimento e desenvolvimento das plantas, movimento estomático, divisão celular, embriogênese, senescência foliar, enraizamento, floração, aumento do teor de clorofilas e taxa fotossintética (Nandy et al., 2022). Em nosso estudo, o aumento no conteúdo endógeno de Put livre e PAs livres totais pode ter desempenhado um papel importante no aumento do teor de clorofila e no acúmulo das proteínas *chlorophyll a-b binding*, o que pode ter favorecido o aparato fotossintético e promovido maior crescimento das brotações de *G. integrifolia* sob a lâmpada LED BAmV em comparação com a lâmpada fluorescente.

Em nosso estudo, proteínas relacionadas com a fotossíntese foram up-accumuladas em brotações mantidas sob a lâmpada LED BAmV. As proteínas

photosystem II 47 kDa (A0A8B8KI63) e OEE1 (A0A8B8KR66) estão relacionadas à estabilidade do fotossistema II (PSII) e também são responsáveis pela oxidação da água e liberação de oxigênio durante a fase dependente de luz da fotossíntese, fornecendo elétrons para a cadeia de transporte de elétrons (Sugihara et al., 2000; Carius et al., 2019; Wang et al., 2019; Liu et al., 2021). As proteínas photosystem I reaction center subunit III (A0A8B8LB85) e photosystem I reaction center subunit V (A0A8B8JGK6) pertencem ao fotossistema I (PSI) e estão diretamente relacionadas à transferência de elétrons na cadeia de transporte, levando à produção de ATP e NADPH durante a fotossíntese (Nelson and Yocum, 2006; Jensen et al., 2007; Nelson, 2011; Jonwal et al., 2022). O PSI e o PSII são complexos moleculares que catalisam reações impulsionadas pela luz e trabalham juntos para converter a energia luminosa em energia química (Zhou and Ye, 2022). O maior acúmulo de proteínas do PSI e PSII nas brotações mantidas sob a lâmpada LED BAmV sugere um aparato fotossintético mais eficiente nessas brotações, o que pode ter estimulado o maior crescimento destas brotações em comparação com as brotações mantidas sob lâmpada fluorescente.

Proteínas e pigmentos fotossintéticos são constituintes do complexo de coletor de luz, que são componentes funcionais importantes nos cloroplastos (Li et al., 2020). Em nosso estudo, observamos um grupo com a interação mais intensa das proteínas light-harvesting chlorophyll a-b binding 6A (A0A8B8LMC5), 7 (A0A8B8JUM0), 8 (A0A8B8MHQ9), 13 (A0A8B8KLE0), CP24 10A (A0A8B8JDH8), CP26 (A0A8B8LV33) e CP29.2 (A0A8B8JX86), pertencentes ao complexo antena. Essas proteínas foram up-acumuladas em brotações mantidas sob a lâmpada LED BAmV em comparação com a lâmpada fluorescente. As proteínas coletoras de luz *chlorophyll a/b-binding* atuam como antenas, captando fótons de luz no PSII, transferindo a energia absorvida para os centros de reação fotossintéticos e dissipando energia sob condições de luz excessiva (Jansson et al., 1997; Mascoli et al., 2020). O acúmulo dessas proteínas pode ter ocorrido em resposta às condições de iluminação fornecidas pela lâmpada LED BAmV, o que pode ter promovido um maior teor de clorofila e crescimento das brotações em relação às brotações cultivadas sob a lâmpada fluorescente.

As clorofilas são pigmentos vitais para a fotossíntese, que permite às plantas absorver energia da luz (Xu et al., 2020), e a qualidade da luz é um fator ambiental que afeta a síntese de clorofila e o movimento estomático (Liu et al.

2018). A quantidade de clorofila em uma planta afeta diretamente sua reação de fluorescência, que, por sua vez, influencia a capacidade da planta de converter energia luminosa em energia química. Essa reação desempenha um papel fundamental na produção de açúcares e proteínas necessários para o crescimento das plantas (Meng et al., 2019). Em nosso estudo, a qualidade da luz aumentou o teor de clorofila em todos os tratamentos com lâmpadas LED em comparação com a lâmpada fluorescente. Similarmente ao nosso estudo, o teor relativo de clorofila em mudas de bananeira ornamental cultivadas *in vitro* sob lâmpada LED foi maior em comparação com a lâmpada fluorescente (Vendrame et al., 2022). Portanto, esse resultado pode ser explicado devido aos comprimentos de onda específicos oferecidos pelas lâmpadas LED. A luz branca apresenta uma ampla qualidade espectral de luz fotossinteticamente ativa, e quando complementada com luz azul, vermelha e vermelho distante, influenciou diretamente o crescimento e o teor de clorofila das brotações *in vitro* de *G. integrifolia*.

Além disso, o teor de carotenoides também aumentou em todos os tratamentos sob lâmpada de LED em comparação com lâmpada fluorescente. Os carotenoides capturam a radiação fotossinteticamente ativa (PAR) na região azul, que contém fótons mais energéticos, e transferem a energia luminosa para as clorofilas. Além disso, os carotenoides atuam na fotoproteção das moléculas de clorofila contra o estresse oxidativo, dissipando a absorção excessiva de energia luminosa e prevenindo danos fotoinibitórios ao aparato fotoquímico (Bantis et al., 2018). O aumento no teor de carotenoides pode ter ocorrido devido à suplementação de luz azul em todos os tratamentos sob lâmpada de LED, o que pode ter promovido uma maior captação de luz e fotoproteção dos pigmentos de clorofila, bem como uma maior atividade fotossintética nos brotos de *G. integrifolia* cultivados sob as lâmpadas de LED em comparação com os brotos cultivados sob a lâmpada fluorescente.

Em nosso estudo, os brotos cultivados sob todos os tratamentos com lâmpadas de LED apresentaram uma razão F_v/F_m maior do que os brotos cultivados sob lâmpadas fluorescentes. De acordo com Genty et al., (1989), o parâmetro F_v/F_m é crucial para compreender o estado fisiológico das plantas e é uma medida da capacidade da planta converter energia luminosa em energia química. Quando uma planta possui um bom funcionamento do fotossistema II

(PSII), a razão Fv/Fm deve variar entre 0,75 e 0,85 (Bolhar-Nordenkampf et al., 1989), enquanto um valor mais baixo reflete a presença de danos fotoinibitórios nos centros de reação do PSII (Björkman and Demmig, 1987). Assim, o valor de Fv/Fm e os teores de pigmentos demonstram que a qualidade da luz das lâmpadas de LED afeta positivamente os parâmetros fisiológicos dos brotos de *G. integrifolia in vitro*. Esses resultados podem ser explicados devido as lâmpadas LED possuírem um espectro de luz branco, que compreende a região fotossinteticamente ativa, o que pode ter promovido maiores teores de pigmentos e um melhor funcionamento do fotossistema II, o que desencadeou maior crescimento dos brotos em todos os tratamentos sob as lâmpadas LED em comparação com os brotos mantidos sob a lâmpada fluorescente.

O TCA é composto por uma série de reações químicas que ocorrem na matriz das mitocôndrias e permitem que organismos aeróbicos oxidem compostos bioquímicos e extraiam energia deles, sendo essa energia necessária para a reprodução e sobrevivência celular (Gasmi et al., 2021). Neste estudo, enzimas relacionadas ao ciclo do TCA foram up-acumuladas em brotos crescidos sob a lâmpada LED BAmV em comparação com a lâmpada fluorescente. Entre elas, as enzimas *aconitate hydratase* (A0A8B8KSZ5) e *aconitate hydratase 1* (A0A8B8LVK9) são importantes no ciclo do TCA porque catalisam a isomerização do citrato para isocitrato via cis-aconitato como intermediário (Lushchak et al. 2014). Nesse sentido, a maior abundância dessas proteínas pode estar associada à eficiência do Ciclo de Krebs, o que conseqüentemente desencadeou maior crescimento dos brotos de *G. integrifolia* quando mantidos sob a lâmpada LED BAmV.

A qualidade espectral da luz afeta parâmetros anatômicos de plantas *in vitro* (He et al., 2020; Sarropoulou et al., 2023). Em nosso estudo, o tipo de lâmpada influenciou a espessura do parênquima paliçádico, que foi maior nas folhas dos brotos cultivados sob lâmpadas fluorescentes, além de uma área foliar menor. Esse parênquima é especializado na eficiência fotossintética, pois contém a maioria dos cloroplastos e esses cloroplastos revestem as paredes celulares de células alongadas, permitindo a máxima captação de energia luminosa (Bolhar-Nordenkampf and Draxler, 1993). Por outro lado, a lâmpada LED BAmV promoveu maior espessura do parênquima esponjoso e uma maior área foliar, em comparação com os brotos cultivados sob lâmpada fluorescente. O parênquima

esponjoso possui espaços intercelulares, que têm a capacidade de refletir radiação, maximizando o processo fotossintético, além de permitir a troca de gases (Santos et al., 2014). O aumento do parênquima esponjoso na anatomia foliar dos brotos mantidos sob a lâmpada de LED BAmV em comparação com os brotos mantidos sob a lâmpada fluorescente sugere maior eficiência na troca gasosa e na taxa fotossintética, o que pode ter promovido maior crescimento desses brotos sob a qualidade do espectro de luz fornecido pela lâmpada LED BAmV.

7. RESUMO E CONCLUSÕES

Com base nos resultados obtidos neste estudo, pode-se concluir que os espectros de luz das lâmpadas LED permitiram um maior crescimento dos brotos de *G. integrifolia* em comparação com os brotos cultivados sob a lâmpada fluorescente. A lâmpada de LED combinando branco com azul médio e vermelho BAmV promoveu o maior crescimento dos brotos provenientes de segmentos nodais apicais e cotiledonares. Foi possível identificar o maior conteúdo endógeno de Put e PAs livres totais nos brotos cultivados sob a lâmpada de LED BAmV em comparação com os brotos cultivados sob a lâmpada fluorescente. Além disso, proteínas relacionadas à fotossíntese, proteínas do complexo antena e ciclo do TCA foram up-acumuladas nos brotos cultivados sob a lâmpada LED BAmV em comparação com a fluorescente. Portanto, foi possível relacionar a abundância de proteínas de ligação de clorofila a/b e o aumento nos teores de clorofila e carotenoides nos brotos cultivados sob a lâmpada LED BAmV com o maior crescimento desses brotos em comparação com os brotos cultivados sob a lâmpada fluorescente. Os resultados observados neste estudo são relevantes para o conhecimento das mudanças bioquímicas e fisiológicas promovidas pela qualidade da luz no crescimento dos brotos de *G. integrifolia* e são importantes para otimizar as etapas de propagação *in vitro* desta espécie.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Agarwal A, Gupta SD (2016) Impact of light-emitting diodes (LEDs) and its potential on plant growth and development in controlled-environment plant production system. *Current Biotechnology* 5(1):28-43.
- Akisue MK, Akisue G, Oliveira F (1986) Caracterização farmacognóstica de pau d'alho *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms. *Revista Brasileira de Farmacognosia* 1:166-182.
- Al-Khayri JM, Jain SM, Johnson DV (2016) *Breeding, Biotechnology and Molecular Tools*. Springer.
- Aragão VPM, Navarro BV, da Silva AT, Silveira V, Santa-Catarina C (2017a) Micropropagation of *Cariniana legalis* (Martius) O. Kuntze, an endangered hardwood tree from the Brazilian Atlantic Forest. *Plant Cell Culture & Micropropagation* 13(2):41-50.
- Aragão VPM, Reis RS, Silveira V, Santa-Catarina C (2017b) Putrescine promotes changes in the endogenous polyamine levels and proteomic profiles to regulate organogenesis in *Cedrela fissilis* Vellozo (Meliaceae). *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 130(3):495-505.
- Aragão VPM, Ribeiro YRdS, Reis RS, Macedo AF, Floh EIS, Silveira V, Santa-Catarina C (2016) *In vitro* organogenesis of *Cedrela fissilis* Vell. (Meliaceae): the involvement of endogenous polyamines and carbohydrates on shoot development. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 124(3):611-620.
- Arunachalam K, Ascêncio SD, Soares IM, Aguiar RWS, Silva LID, Oliveira RG, Balogun SO, Oliveira Martins DT (2016) *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms: *In vitro* and *in vivo* antibacterial activities and mode of action. *Journal of Ethnopharmacology* 184:128-137.

- Arunachalam K, Balogun SO, Pavan E, Almeida GVBD, Oliveira RGD, Wagner T, Cechinel Filho V, Oliveira Martins DDT (2017) Chemical characterization, toxicology and mechanism of gastric antiulcer action of essential oil from *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms in the *in vitro* and *in vivo* experimental models. *Biomedicine & Pharmacotherapy* 94:292-306.
- Bantis F, Smirnakou S, Ouzounis T, Koukounaras A, Ntagkas N, Radoglou K (2018) Current status and recent achievements in the field of horticulture with the use of light-emitting diodes (LEDs). *Scientia Horticulturae* 235:437-451.
- Barbosa LCA, Demuner AJ, Teixeira RR, Madruga MS (1999) Chemical constituents of the bark of *Gallesia gorazema*. *Fitoterapia* 70(2):152-156.
- Baron K, Stasolla C (2008) The role of polyamines during *in vivo* and *in vitro* development. *In Vitro Cellular and Developmental Biology - Plant* 44:384-395.
- Barros SSU, Silva A, Aguiari IB (2005) Germinação de sementes de *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms (pau-d'algo) sob diferentes condições de temperatura, luz e umidade do substrato. *Brazilian Journal of Botany* 28:727-733.
- Batista DS, Felipe SHS, Silva TD, de Castro KM, Mamedes-Rodrigues TC, Miranda NA, Ríos-Ríos AM, Faria DV, Fortini EA, Chagas K (2018) Light quality in plant tissue culture: does it matter? *In Vitro Cellular and Developmental Biology - Plant* 54:195-215.
- Bello-Bello JJ, Perez-Sato JA, Cruz-Cruz CA, Martínez-Estrada E (2017) Light-emitting diodes: Progress in plant micropropagation. *InTech* 6(1):93-103.
- Björkman O, Demmig B (1987) Photon yield of O₂ evolution and chlorophyll fluorescence characteristics at 77 K among vascular plants of diverse origins. *Planta* 170:489-504.
- Bolhar-Nordenkampf HR, Draxler G (1993) Functional leaf anatomy. Photosynthesis and production in a changing environment: A field and laboratory manual. p 91-112.
- Bolhar-Nordenkampf HR, Long SP, Baker NR, Oquist G, Schreiber ULEG, Lechner EG (1989) Chlorophyll fluorescence as a probe of the photosynthetic competence of leaves in the field: a review of current instrumentation. *Functional Ecology*:497-514.
- Bridgen MP, Houtven WV, Eeckhaut T (2018) Plant tissue culture techniques for breeding. *In: Van Huylbroeck, J. (eds) Ornamental Crops. Handbook of Plant Breeding*, vol 11. Springer.127-144.
- Carius AB, Rogne P, Duchoslav M, Wolf-Watz M, Samuelsson G, Shutova T (2019) Dynamic pH-induced conformational changes of the PsbO protein in the fluctuating acidity of the thylakoid lumen. *Physiologia Plantarum* 166(1):288-299.
- Carvalho PER (2003) Espécies arbóreas brasileiras. Embrapa, Brasília. 737p.
- Cavallaro V, Pellegrino A, Muleo R, Forgione I (2022) Light and plant growth regulators on *in vitro* proliferation. *Plants* 11(7):844.

- Chen D, Shao Q, Yin L, Younis A, Zheng B (2019) Polyamine function in plants: metabolism, regulation on development, and roles in abiotic stress responses. *Frontiers in Plant Science* 9:1945.
- Choi D-M, Kim S-H, Han Y-J, Kim J-I (2023) Regulation of Plant Photoresponses by Protein Kinase Activity of Phytochrome A. *International Journal of Molecular Sciences* 24(3):2110.
- Cruz JDA (2019) Morfogênese *in vitro* em *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms (Phytolaccaceae). Monografia de conclusão de curso (Ciências Biológicas) - Campos dos Goytacazes - RJ, Universidade Estadual do Norte Fluminense Darcy Ribeiro, 40p.
- Damerval C, De Vienne D, Zivy M, Thiellement H (1986) Technical improvements in two-dimensional electrophoresis increase the level of genetic variation detected in wheat-seedling proteins. *Electrophoresis* 7(1):52-54.
- Dean W (1996) A ferro e fogo: A história da devastação da Mata Atlântica – São Paulo. Companhia Das Letras. Das Letras. 484p.
- Dhiman M, Sharma L, Singh A, Sharma MM (2020) *Ex situ* conservation using *in vitro* methods of an endangered plant *Sterculia urens* Roxb.: a high volume trade plant for Gum Karaya. *Industrial Crops Products* 158:113015.
- Distler U, Kuharev J, Navarro P, Levin Y, Schild H, Tenzer S (2014) Drift time-specific collision energies enable deep-coverage data-independent acquisition proteomics. *Nature Methods* 11(2):167-170.
- Dutta-Gupta S, Jatothu B (2013) Fundamentals and applications of light-emitting diodes (LEDs) in *in vitro* plant growth and morphogenesis. *Plant Biotechnology Reports* 7:211-220.
- Economou AS, Read PE (1987) Light treatments to improve efficiency of *in vitro* propagation systems. *HortScience* 22(5):751-754.
- Farrokhzad Y, Babaei A, Yadollahi A, Kashkooli AB, Mokhtassi-Bidgoli A, Hesami S (2022) *In vitro* photomorphogenesis, plant growth regulators, melatonin content, and DNA methylation under various wavelengths of light in *Phalaenopsis amabilis*. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 149(3):535-548.
- Fermino-Junior PCP, Scherwinski-Pereira JE (2012) Germinação e propagação *in vitro* de cerejeira (*Amburana acreana* (Ducke) A.C. Smith - Fabaceae). *Ciência Florestal* 22:1-9.
- Gajula H, Kumar V, Vijendra PD, Rajashekar J, Sannabommaji T, Basappa G, Anuradha CM (2022) *In vitro* regeneration of *Psoralea corylifolia* Linn.: influence of polyamines during *in vitro* shoot development. *In Vitro Cellular and Developmental Biology - Plant* 58(1):103-113.
- Galvão VC, Fankhauser C (2015) Sensing the light environment in plants: photoreceptors and early signaling steps. *Current Opinion in Neurobiology* 34:46-53.
- Gao F, Mei X, Li Y, Guo J, Shen Y (2021) Update on the roles of polyamines in fleshy fruit ripening, senescence, and quality. *Frontiers in Plant Science* 12:610313.

- Gasmi A, Peana M, Arshad M, Butnariu M, Menzel A, Bjørklund G (2021) Krebs cycle: activators, inhibitors and their roles in the modulation of carcinogenesis. *Archives of Toxicology* 95(4):1161-1178.
- Genty B, Briantais J-M, Baker NR (1989) The relationship between the quantum yield of photosynthetic electron transport and quenching of chlorophyll fluorescence. *Biochimica et Biophysica Acta - General Subjects* 990(1):87-92.
- Gillet B, Beyly A, Peltier G, Rey P (1998) Molecular characterization of CDSP 34, a chloroplastic protein induced by water deficit in *Solanum tuberosum* L. plants, and regulation of CDSP 34 expression by ABA and high illumination. *The Plant Journal* 16(2):257-262.
- Gnasekaran P, Rahman ZA, Chew BL, Appalasamy S, Mariappan V, Subramaniam S (2021) Development of micropropagation system of *Zingiber officinale* var. rubrum Theilade using different spectrum light-emitting diode (LED) irradiation. *Industrial Crops and Products* 170:113748.
- Gnasekaran P, Rahman ZA, Chew BL, Uddain J, Mariappan V, Appalasamy S, Subramaniam S (2022) Regulation of chloroplast ultrastructure, adventitious bud anatomy and clonal fidelity of *in vitro* *Zingiber officinale* var. rubrum Theilade plantlets in response to LED spectral quality. *Industrial Crops Products* 181:114825.
- Gupta SD, Jatothu B (2013) Fundamentals and applications of light-emitting diodes (LEDs) in *in vitro* plant growth and morphogenesis. *Plant Biotechnology Reports* 7(3):211-220.
- Haradzi NA, Khor SP, Subramaniam S, Chew BL (2021) Regeneration and micropropagation of *Meyer lemon* (*Citrus x meyeri*) supported by polymorphism analysis via molecular markers. *Scientia Horticulturae* 286:110225.
- Hass OO, Ornellas TS, Bittencourt R (2022) Propagação *in vitro* de *Colubrina glandulosa* Perkins: espécie nativa com potencial para programas de reflorestamento. *Ciência Florestal* 32:287-308.
- Hassan N, Ebeed H, Aljaarany A (2020) Exogenous application of spermine and putrescine mitigate adversities of drought stress in wheat by protecting membranes and chloroplast ultra-structure. *Physiology Molecular Biology of Plants* 26(2):233-245.
- He C, Zeng Y, Fu Y, Wu J, Liang Q (2020) Light quality affects the proliferation of *in vitro* cultured plantlets of *Camellia oleifera* Huajin. *PeerJ* 8:e10016.
- Heringer AS, Santa-Catarina C, Silveira V (2018) Insights from proteomic studies into plant somatic embryogenesis. *Proteomics* 18(5-6):1700265.
- Holm G (1954) Chlorophyll mutations in barley. *Acta Agriculturae Scandinavica* 4(1):457-471.
- Huang H, Wei Y, Zhai Y, Ouyang K, Chen X, Bai L (2020) High frequency regeneration of plants via callus-mediated organogenesis from cotyledon and hypocotyl cultures in a multipurpose tropical tree (*Neolamarkia cadamba*). *Scientific Reports* 10(1):1-10.

- Ioannidis NE, Sfichi-Duke L, Kotzabasis K (2011) Polyamines stimulate non-photochemical quenching of chlorophyll a fluorescence in *Scenedesmus obliquus*. *Photosynthesis Research* 107:169-175.
- Jangra A, Chaturvedi S, Kumar N, Singh H, Sharma V, Thakur M, Tiwari S, Chhokar V (2022) Polyamines: The Gleam of Next-Generation Plant Growth Regulators for Growth, Development, Stress Mitigation, and Hormonal Crosstalk in Plants — A Systematic Review. *Journal of Plant Growth Regulation*:1-25.
- Jansson S, Stefánsson H, Nyström U, Gustafsson P, Albertsson P-Å (1997) Antenna protein composition of PS I and PS II in thylakoid sub-domains. *Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics* 1320(3):297-309.
- Jensen PE, Bassi R, Boekema EJ, Dekker JP, Jansson S, Leister D, Robinson C, Scheller HV (2007) Structure, function and regulation of plant photosystem I. *Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics* 1767(5):335-352.
- Johansen DA (1940) *Plant microtechnique*. McGraw-Hill Book Company, Inc: London; 530p.
- Jonwal S, Verma N, Sinha AK (2022) Regulation of photosynthetic light reaction proteins via reversible phosphorylation. *Plant Science* 321:111312.
- Jung W-S, Chung I-M, Hwang MH, Kim S-H, Yu CY, Ghimire BK (2021) Application of light-emitting diodes for improving the nutritional quality and bioactive compound levels of some crops and medicinal plants. *Molecules* 26(5):1477.
- Khajuria AK, Bisht N, Bhagat NJ (2020) *In vitro* organogenesis and plant regeneration of *Thymus serpyllum* L.: an important aromatic medicinal plant. *In Vitro Cellular Developmental Biology-Plant* 56:652-661.
- Kong Y, Zheng Y (2020) Phototropin is partly involved in blue-light-mediated stem elongation, flower initiation, and leaf expansion: A comparison of phenotypic responses between wild *Arabidopsis* and its phototropin mutants. *Environmental and Experimental Botany* 171:103967.
- Kusano T, Berberich T, Tateda C, Takahashi Y (2008) Polyamines: essential factors for growth and survival. *Planta* 228:367-381.
- Kusuma P, Bugbee B (2021) Far-red fraction: An improved metric for characterizing phytochrome effects on morphology. *Journal of the American Society for Horticultural Science* 146(1):3-13.
- Kuznetsov VV, Rakitin VY, Sadomov NG, Dam DV, Stetsenko LA, Shevyakova NI (2002) Do polyamines participate in the long-distance translocation of stress signals in plants? *Russian Journal of Plant Physiology* 49:120-130.
- Lee S-Y, Tsai FTF (2005) Molecular chaperones in protein quality control. *BMB Reports* 38(3):259-265.
- Leitner-Dagan Y, Ovadis M, Shklarman E, Elad Y, Rav David D, Vainstein A (2006) Expression and functional analyses of the plastid lipid-associated protein CHRC suggest its role in chromoplastogenesis and stress. *Plant Physiology and Biochemistry* 142(1):233-244.

- Lenis YY, Elmetwally MA, Maldonado-Estrada JG, Bazer FW (2017) Physiological importance of polyamines. *Zygote* 25(3):244-255.
- Lerin J, Aragão VPM, Reis RS, Silveira V, Santa-Catarina C (2019) Proteomic profile and polyamine contents are modulated by light source to promote *in vitro* shoot development in *Cariniana legalis* (Martius) O. Kuntze (Lecythidaceae). *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 137(2):329-342.
- Li X-W, Zhu Y-L, Chen C-Y, Geng Z-J, Li X-Y, Ye T-T, Mao X-N, Du F (2020) Cloning and characterization of two chlorophyll A/B binding protein genes and analysis of their gene family in *Camellia sinensis*. *Scientific Reports* 10(1):4602.
- Linder S (1974) A proposal for the use of standardized methods for chlorophyll determinations in ecological and eco-physiological investigations. *Physiologia Plantarum* 32(2):154-156.
- Liu C, Pu Y, Peng H, Lv X, Tian S, Wei X, Zhang J, Zou A, Fan G, Sun X (2021) Transcriptome sequencing reveals that photoinduced gene IP-L affects the expression of PsbO to response to virus infection in *Nicotiana benthamiana*. *Physiological and Molecular Plant Pathology* 114:101613.
- Liu J-H, Wang W, Wu H, Gong X, Moriguchi T (2015) Polyamines function in stress tolerance: from synthesis to regulation. *Frontiers in Plant Science* 6:827.
- Liu XY, Jiao XL, Chang TT, Guo SR, Xu ZG (2018) Photosynthesis and leaf development of cherry tomato seedlings under different LED-based blue and red photon flux ratios. *Photosynthetica* 56:1212-1217.
- Long Y, Yang Y, Pan G, Shen Y (2022) New insights into tissue culture plant-regeneration mechanisms. *Frontiers in Plant Science* 13:926752.
- Lorenzi H (1992) Árvores brasileiras: manual de identificação e cultivo de plantas arbóreas nativas do Brasil. Nova Odessa: Editora Plantarum:352.
- Lushchak OV, Piroddi M, Galli F, Lushchak VI (2014) Aconitase post-translational modification as a key in linkage between Krebs cycle, iron homeostasis, redox signaling, and metabolism of reactive oxygen species. *Redox Report* 19(1):8-15.
- Majumdar R, Barchi B, Turlapati SA, Gagne M, Minocha R, Long S, Minocha SC (2016) Glutamate, ornithine, arginine, proline, and polyamine metabolic interactions: the pathway is regulated at the post-transcriptional level. *Frontiers in Plant Science* 7:78.
- Marchioretto MS (2015) Phytolaccaceae in Flora e Funga do Brasil. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em: <<https://floradobrasil.jbrj.gov.br/FB12577>>. Acesso em: 12 abr. 2023.
- Mascoli V, Novoderezhkin V, Liguori N, Xu P, Croce R (2020) Design principles of solar light harvesting in plants: Functional architecture of the monomeric antenna CP29. *Biochimica Et Biophysica Acta - Bioenergetics* 1861(3):148156.
- Meng X, Wang Z, He S, Shi L, Song Y, Lou X, He D (2019) LED-supplied red and blue light alters the growth, antioxidant status, and photochemical potential

- of *in vitro*-grown *Gerbera jamesonii* plantlets. Horticultural Science and Technology 37(4):473-489.
- Meng Y-y, Song S-j, Landrein S (2021) *In vitro* organogenesis and plant regeneration of *Passiflora xishuangbannaensis*, a species with extremely small populations. Global Ecology Conservation 31.
- Monte E, Ludevid D, Prat S (1999) Leaf C40. 4: a carotenoid-associated protein involved in the modulation of photosynthetic efficiency? The Plant Journal 19(4):399-410.
- Muñoz V, Sauvain M, Bourdy G, Arrázola S, Callapa J, Ruiz G, Choque J, Deharo E (2000) A search for natural bioactive compounds in Bolivia through a multidisciplinary approach: Part III. Evaluation of the antimalarial activity of plants used by Alteños Indians. Journal of Ethnopharmacology 71(1-2):123-131.
- Murashige T, Skoog F (1962) A revised medium for rapid growth and bio assays with tobacco tissue cultures. Physiologia Plantarum 15(3):473-497.
- Nandy S, Das T, Tudu CK, Mishra T, Ghorai M, Gadekar VS, Anand U, Kumar M, Behl T, Shaikh NK (2022) Unravelling the multi-faceted regulatory role of polyamines in plant biotechnology, transgenics and secondary metabolomics. Applied Microbiology and Biotechnology 106(3):905-929.
- Nanjo Y, Skultety L, Uváčková Lu, Klubicová Kn, Hajdúch M, Komatsu S (2012) Mass spectrometry-based analysis of proteomic changes in the root tips of flooded soybean seedlings. Journal of Proteome Research 11(1):372-385.
- Nelson N (2011) Photosystems and global effects of oxygenic photosynthesis. Biochimica et Biophysica Acta - Bioenergetics 1807(8):856-863.
- Nelson N, Yocum CF (2006) Structure and function of photosystems I and II. Annual Review of Plant Biology 57:521-565.
- Oliveira TDR, Aragão VPM, Moharana KC, Fedosejevs E, Amaral FPD, Sousa KR, Thelen JJ, Venâncio TM, Silveira V, Santa-Catarina C (2020) Light spectra affect the *in vitro* shoot development of *Cedrela fissilis* Vell. (Meliaceae) by changing the protein profile and polyamine contents. Biochimica et Biophysica Acta - Proteins Proteomics 1868(12):140529.
- Paradiso R, Proietti S (2022) Light-quality manipulation to control plant growth and photomorphogenesis in greenhouse horticulture: The state of the art and the opportunities of modern LED systems. Journal of Plant Growth Regulation 41(2):742-780.
- Pe PPW, Naing AH, Soe MT, Kang H, Park KI, Kim CK (2020) Establishment of meristem culture for virus-free and genetically stable production of the endangered plant *Hosta capitata*. Scientia Horticulturae 272:109591.
- Perez-Riverol Y, Bai J, Bandla C, García-Seisdedos D, Hewapathirana S, Kamatchinathan S, Kundu DJ, Prakash A, Frericks-Zipper A, Eisenacher M (2022) The PRIDE database resources in 2022: a hub for mass spectrometry-based proteomics evidences. Nucleic Acids Research 50(D1):D543-D552.

- Pessanha LS, Aragão VPM, Oliveira TR, Sousa KR, Silveira V, Santa-Catarina C (2022) Benzyladenine affects polyamine contents and proteomic profiles during *in vitro* shoot development and *ex vitro* rooting in *Dalbergia nigra* (Vell.) Allemão ex Benth. (Fabaceae). *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 151(1):75-92.
- Qin L, Zhang X, Yan J, Fan L, Rong C, Mo C, Zhang M (2019) Effect of exogenous spermidine on floral induction, endogenous polyamine and hormone production, and expression of related genes in 'Fuji' apple (*Malus domestica* Borkh.). *Scientific Reports* 9(1):1-11.
- R Core Team R (2018) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing Vienna, Austria.
- Raimundo KF, Bortolucci WC, Glamočlija J, Soković M, Gonçalves JE, Linde GA, Colauto NB, Gazim ZC (2018) Antifungal activity of *Gallesia integrifolia* fruit essential oil. *Brazilian Journal of Microbiology* 49:229-235.
- Reis RS, Vale EM, Sousa KR, Santa-Catarina C, Silveira V (2021) Pretreatment free of 2, 4-dichlorophenoxyacetic acid improves the differentiation of sugarcane somatic embryos by affecting the hormonal balance and the accumulation of reserves. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 145:101-115.
- Safar NVH, Magnago LFS, Schaefer CEGR (2020) Resilience of lowland Atlantic forests in a highly fragmented landscape: Insights on the temporal scale of landscape restoration. *Forest Ecology and Management* 470:118183.
- Saibil H (2013) Chaperone machines for protein folding, unfolding and disaggregation. *Nature Reviews Molecular Cell Biology* 14(10):630-642.
- Santa-Catarina C, Silveira V, Balbuena TS, Viana AM, Estelita MEM, Handro W, Floh EIS (2006) IAA, ABA, polyamines and free amino acids associated with zygotic embryo development of *Ocotea catharinensis*. *Plant Growth Regulation* 49(2):237-247.
- Santa-Catarina C, Silveira V, Scherer GF, Floh EIS (2007) Polyamine and nitric oxide levels relate with morphogenetic evolution in somatic embryogenesis of *Ocotea catharinensis*. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 90(1):93-101.
- Santos-Junior CFD, Rech TD, Costa MD, Navroski MC, Boff P, Boff MIC (2023) Efeito da qualidade de luz na multiplicação e enraizamento *in vitro* de *Cedrela odorata* L. *Ciência Florestal* 32:2419-2432.
- Santos LD, Schlindwein SL, Fantini AC, Henkes JA, Belderrain MCN (2020) Dinâmica do desmatamento da Mata Atlântica: causas e consequências. *Revista Gestão Sustentabilidade Ambiental* 9(3):378-402.
- Santos MS, Feijó NSA, Secco TM, Mielke MS, Gomes FP, Costa LCB, Silva DC (2014) Efeitos do sombreamento na anatomia foliar de *Gallesia integrifolia* (Spreng.) Harms e *Schinus terebinthifolius* Raddi. *Revista Brasileira de Plantas Mediciniais* 16:89-96.
- Sarropoulou V, Spirdouli I, Adamakis I-D, Grigoriadou K (2023) The use of different LEDs wavelength and light intensities for *in vitro* proliferation of

- cherry rootstock: influence on photosynthesis and photomorphogenesis. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture* 152(2):317-330.
- Shi C, Liu H (2021) How plants protect themselves from ultraviolet-B radiation stress. *Plant Physiology and Biochemistry* 187(3):1096-1103.
- Shukla MR, Singh AS, Piunno K, Saxena PK, Jones AMP (2017) Application of 3D printing to prototype and develop novel plant tissue culture systems. *Plant Methods* 13(1):1-10.
- Silva AMDS, Corrêa GC, Reis EM (2007) Proteômica — Uma abordagem funcional do estudo do genoma. *Saúde e Ambiente* 2:1-10.
- Silveira V, Santa-Catarina C, Tun NN, Scherer GFE, Handro W, Guerra MP, Floh EIS (2006) Polyamine effects on the endogenous polyamine contents, nitric oxide release, growth and differentiation of embryogenic suspension cultures of *Araucaria angustifolia* (Bert.) O. Ktze. *Plant Science* 171(1):91-98.
- Singh D, Basu C, Meinhardt-Wollweber M, Roth B (2015) LEDs for energy efficient greenhouse lighting. *Renewable and Sustainable Energy Reviews* 49:139-147.
- Sivanesan I, Nayeem S, Venkidasamy B, Kuppuraj SP, Rn C, Samynathan R (2022) Genetic and epigenetic modes of the regulation of somatic embryogenesis: A review. *Biologia Futura* 73(3):259-277.
- Sokal RR, Rohlf FJ (1995) *Biometry: The Principles and Practice of Statistics in Biological Research*, 3rd edn. W.H. Freeman and Company, New York.
- Souza MTPD, Azevedo GBD, Azevedo GTOS, Teodoro LPR, Plaster OB, de Assunção PCG, Teodoro PE (2020) Growth of native forest species in a mixed stand in the Brazilian Savanna. *Forest Ecology Management* 462:118011.
- Stefanel CM, Reiniger LRS, da Silva LDD, Santos Rabaiolli SMD, Silva KBD (2020) Diodos emissores de luz (LEDs) usados no cultivo *in vitro* de *Eugenia involucrata*. *Pesquisa Florestal Brasileira* 40.
- Sugihara K, Hanagata N, Dubinsky Z, Baba S, Karube I (2000) Molecular characterization of cDNA encoding oxygen evolving enhancer protein 1 increased by salt treatment in the mangrove *Bruguiera gymnorrhiza*. *Plant and Cell Physiology* 41(11):1279-1285.
- Szklarczyk D, Gable AL, Nastou KC, Lyon D, Kirsch R, Pyysalo S, Doncheva NT, Legeay M, Fang T, Bork P (2021) The STRING database in 2021: customizable protein–protein networks, and functional characterization of user-uploaded gene/measurement sets. *Nucleic Acids Research* 49(D1):D605-D612.
- Takáč T, Pechan T, Šamaj J (2011) Differential proteomics of plant development. *Journal of Proteomics* 74(5):577-588.
- Tanwar UK, Stolarska E, Paluch-Lubawa E, Mattoo AK, Arasimowicz-Jelonek M, Sobieszczuk-Nowicka E (2022) Unraveling the genetics of polyamine metabolism in barley for senescence-related crop improvement. *International Journal of Biological Macromolecules* 221:585-603.

- Taulavuori E, Taulavuori K, Holopainen JK, Julkunen-Tiitto R, Acar C, Dincer I (2017) Targeted use of LEDs in improvement of production efficiency through phytochemical enrichment. *Journal of the Science of Food Agriculture* 97(15):5059-5064.
- Veiga JE, Ehlers E (2003) Diversidade biológica e dinamismo econômico no meio rural. In: May, P. *Economia do meio ambiente: teoria e prática*. Rio de Janeiro, Ed. Campus: 271-290.
- Vendrame WA, Feuille C, Beleski D, Bueno PMC (2022) *In vitro* growth responses of ornamental bananas (*Musa* sp.) as affected by light sources. *Horticulturae* 8(2):92.
- Verdeil J-L, Alemanno L, Niemenak N, Tranbarger TJ (2007) Pluripotent versus totipotent plant stem cells: dependence versus autonomy? *Trends in Plant Science* 12(6):245-252.
- Viczián A, Klose C, Ádám É, Nagy F (2017) New insights of red light-induced development. *Plant, Cell & Environment* 40(11):2457-2468.
- Wallace HM, Fraser AV, Hughes A (2003) A perspective of polyamine metabolism. *Biochemical Journal* 376(1):1-14.
- Wang X, Xu X, Cui J (2015) The importance of blue light for leaf area expansion, development of photosynthetic apparatus, and chloroplast ultrastructure of *Cucumis sativus* grown under weak light. *Photosynthetica* 53(2):213-222.
- Wang Y, Zhang B, Jiang D, Chen G (2019) Silicon improves photosynthetic performance by optimizing thylakoid membrane protein components in rice under drought stress. *Environmental and Experimental Botany* 158:117-124.
- Wasinger VC, Cordwell SJ, Cerpa-Poljak A, Yan JX, Gooley AA, Wilkins MR, Duncan MW, Harris R, Williams KL, Humphery-Smith I (1995) Progress with gene-product mapping of the Mollicutes: *Mycoplasma genitalium*. *Electrophoresis* 16(1):1090-1094.
- Weiger TM, Hermann A (2014) Cell proliferation, potassium channels, polyamines and their interactions: a mini review. *Amino Acids* 46:681-688.
- Wit MD, Pierik R (2016) Photomorphogenesis and photoreceptors. *Canopy Photosynthesis: From Basics to Applications. Advances in Photosynthesis and Respiration*, vol 42. Springer, Dordrecht:171-186.
- Xu Y, Yang M, Cheng F, Liu S, Liang Y (2020) Effects of LED photoperiods and light qualities on *in vitro* growth and chlorophyll fluorescence of *Cunninghamia lanceolata*. *BMC Plant Biology* 20(1):1-12.
- Yan S, Bhawal R, Yin Z, Thannhauser TW, Zhang S (2022) Recent advances in proteomics and metabolomics in plants. *Molecular Horticulture* 2(1):17.
- Yousefi F, Jabbarzadeh Z, Amiri J, Rasouli-Sadaghiani MH (2019) Response of roses (*Rosa hybrida* L. 'Herbert Stevens') to foliar application of polyamines on root development, flowering, photosynthetic pigments, antioxidant enzymes activity and NPK. *Scientific Reports* 9(1):16025.

- Yu L-l, Song C-m, Sun L-j, Li L-l, Xu Z-g, Tang C-m (2020) Effects of light-emitting diodes on tissue culture plantlets and seedlings of rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Integrative Agriculture* 19(7):1743-1754.
- Zhang S, Zhou H, Yu F, Bai C, Zhao Q, He J, Liu C (2016) Structural insight into the cooperation of chloroplast chaperonin subunits. *BMC Biology* 14:1-14.
- Zheng L, He H, Song W (2019) Application of light-emitting diodes and the effect of light quality on horticultural crops: A review. *HortScience* 54(10):1656-1661.
- Zhou L, Ye Y (2022) Assembly of the photosystem II reaction center, the heart of photosynthesis. *Plant Physiology* 189(2):438–440.
- Zielińska S, Piątczak E, Kozłowska W, Bohater A, Jezierska-Domaradzka A, Kolniak-Ostek J, Matkowski A (2020) LED illumination and plant growth regulators' effects on growth and phenolic acids accumulation in *Moluccella laevis* L. *in vitro* cultures. *Acta Physiologiae Plantarum* 42(5):72.

APÉNDICE

Tabela Suplementar 1: Lista completa de todas as proteínas identificadas de *Gallesia integrifolia* comparando brotos cultivados sob lâmpada LED e brotos cultivados sob lâmpada fluorescente."

Acesso	Descrição	Média		t-Test	Log ₂ do Fold Change	Acúmulo diferencial
		FLUO	LED	LED/FLUO	LED/FLUO	LED/FLUO
A0A8B8JWY1	40S ribosomal protein S8	73886	114677	0.0234	0.63	UP
A0A8B8KLA2	4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase (ferredoxin), chloroplastic	25747	49413	0.0002	0.94	UP
A0A8B8LB57	60S ribosomal protein L24	30581	53058	0.0127	0.79	UP
A0A8B8LVK9	Aconitate hydratase 1	35910	63818	0.0026	0.83	UP
A0A8B8KSZ5	Aconitate hydratase, cytoplasmic	65703	154731	0.0007	1.24	UP
A0A8B8KBK2	Aspartate-semialdehyde dehydrogenase	32362	52103	0.0446	0.69	UP
A0A8B8KC98	Atpase 9, plasma membrane-type	15094	23039	0.0189	0.61	UP
A0A8B8KV59	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 2, chloroplastic	79081	122319	0.0018	0.63	UP
A0A8B8LI96	ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH, chloroplastic	37262	64871	0.0009	0.80	UP
A0A8B8KLE0	Chlorophyll a-b binding protein 13, chloroplastic	22750	55671	0.0000	1.29	UP
A0A8B8LMC5	Chlorophyll a-b binding protein 6A, chloroplastic	59547	133486	0.0430	1.16	UP
A0A8B8JUM0	Chlorophyll a-b binding protein 7, chloroplastic	49295	143860	0.0001	1.55	UP
A0A8B8MHQ9	Chlorophyll a-b binding protein 8, chloroplastic	133364	299535	0.0005	1.17	UP
A0A8B8JDH8	Chlorophyll a-b binding protein CP24 10A, chloroplastic	30822	96205	0.0001	1.64	UP
A0A8B8LV33	Chlorophyll a-b binding protein CP26, chloroplastic	169143	291027	0.0004	0.78	UP
A0A8B8JX86	Chlorophyll a-b binding protein CP29.2, chloroplastic	19743	50943	0.0008	1.37	UP
A0A8B8L1C5	Fructose-1,6-bisphosphatase, chloroplastic	76775	122876	0.0047	0.68	UP
A0A8B8LQG6	Glutamate decarboxylase	6683	13807	0.0018	1.05	UP
A0A8B8MK70	Glycine dehydrogenase (decarboxylating), mitochondrial	23466	54961	0.0001	1.23	UP
A0A8B8JCW1	Heat shock protein 90-6, mitochondrial	29106	49702	0.0223	0.77	UP
A0A8B8LEY6	Linoleate 13S-lipoxygenase 2-1, chloroplastic-like	58655	101466	0.0046	0.79	UP
A0A8B8LB85	Oxygen-evolving enhancer protein 1, chloroplastic	107860	180333	0.0026	0.74	UP

Continuação

A0A8B8LB85	Photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic	26293	68100	0.0299	1.37	UP
A0A8B8JGK6	Photosystem I reaction center subunit V, chloroplastic	48494	128673	0.0002	1.41	UP
A0A8B8KI63	Photosystem II 47 kda protein	285173	500273	0.0018	0.81	UP
A0A8B8MMX0	Ribulose-phosphate 3-epimerase, chloroplastic	42259	111448	0.0009	1.40	UP
A0A8B8M788	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial	46903	23921	0.0005	-0.97	DOWN
A0A8B8LSA6	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase	211838	133677	0.0022	-0.66	DOWN
A0A8B8MLR0	Alcohol dehydrogenase	36768	20743	0.0051	-0.83	DOWN
A0A8B8LAJ6	Alpha-L-arabinofuranosidase 1	61971	40575	0.0173	-0.61	DOWN
A0A8B8LNR3	Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic	54191	23073	0.0376	-1.23	DOWN
A0A8B8KMY5	Guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 2	86149	54660	0.0388	-0.66	DOWN
A0A8B8L5K0	Heat shock cognate 70 kda protein	52742	20423	0.0075	-1.37	DOWN
A0A8B8KEZ7	L-ascorbate oxidase homolog	25258	9597	0.0031	-1.40	DOWN
A0A8B8L6L8	Probable alpha-mannosidase At5g13980	45101	23487	0.0148	-0.94	DOWN
A0A8B8JDT7	Protein argonaute 4	52508	32426	0.0453	-0.70	DOWN
A0A8B8JGN5	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta	61568	40274	0.0166	-0.61	DOWN
A0A8B8LUK7	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit 1, mitochondrial	47155	28427	0.0152	-0.73	DOWN
A0A8B8JUY3	UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase	57277	32823	0.0245	-0.80	DOWN
A0A8B8M2S4	ADP-ribosylation factor 2-like	29909	-	-	-	UNIQUE_FLUO
A0A8B8JDE0	Chlorophyll a-b binding protein 215, chloroplastic	2759	-	-	-	UNIQUE_FLUO
A0A8B8LAG1	Heat shock cognate 70 kda protein-like isoform X3	7243	-	-	-	UNIQUE_FLUO
A0A8B8M4T6	Pyruvate kinase 1, cytosolic	20105	-	-	-	UNIQUE_FLUO
A0A8B8JUZ8	Clathrin heavy chain 2	-	5986	-	-	UNIQUE_LED
A0A8B8KC19	Heat shock protein 83	-	663	-	-	UNIQUE_LED
A0A8B8LC53	Phosphoglycolate phosphatase 2	-	2733	-	-	UNIQUE_LED
A0A8B8KII0	(S)-2-hydroxy-acid oxidase GLO1	233521	324545	0.0035	0.47	UNCHANGED
A0A8B8KIT1	(S)-2-hydroxy-acid oxidase GLO1 isoform X1	251863	205665	0.0194	-0.29	UNCHANGED

Continuação

A0A8B8K7L6	2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase	58824	33189	0.2142	-0.83	UNCHANGED
A0A8B8KNU0	26S proteasome non-atpase regulatory subunit 1 homolog A-like	41713	43859	0.6659	0.07	UNCHANGED
A0A8B8LAD5	26S proteasome non-atpase regulatory subunit 14 homolog	39204	22106	0.2644	-0.83	UNCHANGED
A0A8B8KRK5	26S proteasome non-atpase regulatory subunit 2 homolog A	46243	50590	0.3904	0.13	UNCHANGED
A0A8B8LW08	26S proteasome non-atpase regulatory subunit 4 homolog isoform X1	47592	34929	0.0412	-0.45	UNCHANGED
A0A8B8LB52	26S proteasome regulatory subunit 6A homolog	19095	10163	0.1678	-0.91	UNCHANGED
A0A8B8L3Q1	2-Cys peroxiredoxin BAS1, chloroplastic	42970	65480	0.1791	0.61	UNCHANGED
A0A8B8LAQ2	2-dehydro-3-deoxyphosphooctonate aldolase	15897	10820	0.1633	-0.56	UNCHANGED
A0A8B8MGQ3	2-methyl-6-phytyl-1,4-hydroquinone methyltransferase, chloroplastic	42555	55874	0.0715	0.39	UNCHANGED
A0A8B8M8A3	2-methyl-6-phytyl-1,4-hydroquinone methyltransferase, chloroplastic-like	89389	98437	0.4966	0.14	UNCHANGED
A0A8B8L8E5	2-oxoglutarate dehydrogenase, mitochondrial-like	47455	51956	0.2633	0.13	UNCHANGED
A0A8B8M4V4	3-ketoacyl-coa thiolase 2, peroxisomal	48313	48770	0.8692	0.01	UNCHANGED
A0A8B8JWN9	40S ribosomal protein S13	15926	15137	0.7968	-0.07	UNCHANGED
A0A8B8MD74	40S ribosomal protein S23	16336	22620	0.0535	0.47	UNCHANGED
A0A8B8LRB3	40S ribosomal protein S27-2	52358	55906	0.2995	0.09	UNCHANGED
A0A8B8JHK3	40S ribosomal protein S4-1	9590	13523	0.0077	0.50	UNCHANGED
A0A8B8KTA9	40S ribosomal protein S6	37516	42267	0.6657	0.17	UNCHANGED
A0A8B8JU17	40S ribosomal protein SA	57272	32585	0.4248	-0.81	UNCHANGED
A0A8B8KZB6	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase	148459	163832	0.2006	0.14	UNCHANGED
A0A8B8KIE5	5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase	260874	300684	0.0316	0.20	UNCHANGED
A0A8B8MBI3	60S acidic ribosomal protein P0	139044	153783	0.0310	0.15	UNCHANGED
A0A8B8JI40	60S ribosomal protein L10	36155	37830	0.8184	0.07	UNCHANGED
A0A8B8L4P4	60S ribosomal protein L18	27910	38668	0.0038	0.47	UNCHANGED
A0A8B8M480	60S ribosomal protein L3	65213	70297	0.5336	0.11	UNCHANGED
A0A8B8LYZ5	60S ribosomal protein L8-3	34618	34897	0.9656	0.01	UNCHANGED

Continuação

A0A8B8L579	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 2	102159	77337	0.0442	-0.40	UNCHANGED
A0A8B8KFU8	6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 3, chloroplastic	22007	15701	0.0261	-0.49	UNCHANGED
A0A8B8KFG4	Aconitate hydratase, cytoplasmic	45857	60635	0.0083	0.40	UNCHANGED
A0A8B8LR24	Actin-1	235865	204057	0.3388	-0.21	UNCHANGED
A0A8B8K8W0	Actin-7	589726	498677	0.1847	-0.24	UNCHANGED
A0A8B8KKL5	Actin-7	128701	149123	0.1481	0.21	UNCHANGED
A0A8B8K7G9	Actin-7	24538	24525	0.9984	0.00	UNCHANGED
A0A8B8K9S4	Adenosylhomocysteinase	322617	303150	0.3670	-0.09	UNCHANGED
A0A8B8JSY9	Adenosylhomocysteinase	43764	33106	0.0515	-0.40	UNCHANGED
A0A8B8KKB6	ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial	150216	162002	0.1954	0.11	UNCHANGED
A0A8B8K3M8	Adp-ribosylation factor 1	1356	2053	0.0039	0.60	UNCHANGED
A0A8B8KX59	ADP-ribosylation factor 2 isoform X1	138245	128966	0.2810	-0.10	UNCHANGED
A0A8B8MJW2	Alcohol dehydrogenase 1	354711	228848	0.0710	-0.63	UNCHANGED
A0A8B8KP93	Aldehyde dehydrogenase family 2 member B7, mitochondrial	301971	223382	0.1527	-0.43	UNCHANGED
A0A8B8KYD9	Alpha-mannosidase At3g26720	36702	28605	0.0978	-0.36	UNCHANGED
A0A8B8M0H9	Alpha-xylosidase 1	88774	83419	0.3382	-0.09	UNCHANGED
A0A8B8M7Y7	Alpha-xylosidase 1	8892	8010	0.6414	-0.15	UNCHANGED
A0A8B8LGR8	Aminopeptidase M1	24791	20500	0.2262	-0.27	UNCHANGED
A0A8B8KKY5	ATP synthase subunit beta, chloroplastic-like	568269	769320	0.0034	0.44	UNCHANGED
A0A8B8M7A5	ATP synthase subunit beta, mitochondrial	512742	466005	0.0495	-0.14	UNCHANGED
A0A8B8MJF6	ATP synthase subunit gamma, mitochondrial	26045	20712	0.1373	-0.33	UNCHANGED
A0A8B8JZF5	Atpase subunit 1	271273	268697	0.8904	-0.01	UNCHANGED
A0A8B8JIF8	ATP-citrate synthase beta chain protein 1	53445	59227	0.0055	0.15	UNCHANGED
A0A8B8JFS0	Beta-glucosidase bogh3b isoform X1	38028	26889	0.0446	-0.50	UNCHANGED
A0A8B8MKL7	Betaine aldehyde dehydrogenase 1, chloroplastic	34414	24517	0.0011	-0.49	UNCHANGED
A0A8B8KN38	Carbonic anhydrase 2-like	47509	39609	0.6476	-0.26	UNCHANGED
A0A8B8LN09	Carbonic anhydrase, chloroplastic isoform X1	224398	208129	0.8229	-0.11	UNCHANGED

Continuação

A0A8B8L1Z8	Cell division cycle protein 48 homolog	48704	56441	0.1486	0.21	UNCHANGED
A0A8B8L636	Cell division cycle protein 48 homolog	51303	46866	0.2926	-0.13	UNCHANGED
A0A8B8KKP9	Cell division cycle protein 48 homolog	15420	13858	0.2776	-0.15	UNCHANGED
A0A8B8L351	Cell division protein ftsz homolog 2-1, chloroplastic	22291	22792	0.8851	0.03	UNCHANGED
A0A8B8JNQ4	Chaperone protein clpc, chloroplastic	47484	51777	0.5158	0.12	UNCHANGED
A0A8B8MDW4	Chaperonin CPN60-2, mitochondrial	65136	72772	0.3987	0.16	UNCHANGED
A0A8B8JTH3	Chlorophyll a-b binding protein CP29.3, chloroplastic	64379	78593	0.1371	0.29	UNCHANGED
A0A8B8LTC0	Chlorophyll a-b binding protein of LHCII type 1	545199	681944	0.0251	0.32	UNCHANGED
A0A8B8KX91	Chlorophyll a-b binding protein of LHCII type 1	51351	41139	0.1068	-0.32	UNCHANGED
A0A8B8LA35	Chloroplast stem-loop binding protein of 41 kda b, chloroplastic	42334	37102	0.5626	-0.19	UNCHANGED
A0A8B8K3M5	Clathrin heavy chain 1	61849	71575	0.1116	0.21	UNCHANGED
A0A8B8JRN9	Clathrin heavy chain 1	34537	28556	0.0883	-0.27	UNCHANGED
A0A8B8JHZ1	Clathrin heavy chain 2	17806	17860	0.9841	0.00	UNCHANGED
A0A8B8LC51	Coatomer subunit gamma	20425	26909	0.0862	0.40	UNCHANGED
A0A8B8JMG7	Cysteine proteinase RD21a	68071	82477	0.0563	0.28	UNCHANGED
A0A8B8L3P1	Cysteine synthase	96573	78690	0.0029	-0.30	UNCHANGED
A0A8B8M4J7	Cysteine synthase	159292	140501	0.0967	-0.18	UNCHANGED
A0A8B8KVD8	Cysteine synthase, chloroplastic/chromoplastic	190130	175113	0.3709	-0.12	UNCHANGED
A0A8B8M4U6	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 1, chloroplastic	71381	75063	0.6399	0.07	UNCHANGED
A0A8B8KLI8	D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 2, chloroplastic	73823	66838	0.2304	-0.14	UNCHANGED
A0A8B8MJ41	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic-like	33237	43416	0.0027	0.39	UNCHANGED
A0A8B8LMB7	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 56	25083	19812	0.0743	-0.34	UNCHANGED
A0A8B8KP98	DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 56 isoform X1	74379	60890	0.1028	-0.29	UNCHANGED
A0A8B8JM80	Dihydrolipoyl dehydrogenase, mitochondrial	81267	82287	0.8869	0.02	UNCHANGED
A0A8B8JFY7	Dihydrolipoyllysine-residue succinyltransferase component of 2-oxoglutarate dehydrogenase complex 2, mitochondrial	89132	45163	0.4569	-0.98	UNCHANGED
A0A8B8K3X3	Dihydroxy-acid dehydratase, chloroplastic	36415	36025	0.9462	-0.02	UNCHANGED
A0A8B8KYN7	Elongation factor 1-alpha	203346	223162	0.0581	0.13	UNCHANGED

Continuação

A0A8B8MIC8	Elongation factor 1-alpha	81113	97448	0.0064	0.26	UNCHANGED
A0A8B8KDP3	Elongation factor 2	227069	226681	0.9899	0.00	UNCHANGED
A0A8B8LG59	Elongation factor 2	15958	23186	0.0276	0.54	UNCHANGED
A0A8B8K982	Elongation factor 2	73108	57134	0.1381	-0.36	UNCHANGED
A0A8B8LP87	Elongation factor G-2, chloroplastic	33370	48647	0.0050	0.54	UNCHANGED
A0A8B8JT94	Elongation factor G-2, chloroplastic	4477	3081	0.0262	-0.54	UNCHANGED
A0A8B8JRJ2	Elongation factor Tu, chloroplastic	135161	181524	0.0059	0.43	UNCHANGED
A0A8B8L8A5	Elongation factor Tu, mitochondrial	19932	16043	0.0698	-0.31	UNCHANGED
A0A8B8MKW2	Endoplasmin homolog isoform X1	31446	23295	0.2946	-0.43	UNCHANGED
A0A8B8L1Q3	Enolase	224576	212046	0.5183	-0.08	UNCHANGED
A0A8B8LT11	Enolase	108982	76320	0.1177	-0.51	UNCHANGED
A0A8B8LG15	Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase [NADH], chloroplastic-like	55051	66525	0.0756	0.27	UNCHANGED
A0A8B8JRQ1	Eukaryotic initiation factor 4A-10	21808	19504	0.0184	-0.16	UNCHANGED
A0A8B8L756	Eukaryotic initiation factor 4A-15	149557	145905	0.5414	-0.04	UNCHANGED
A0A8B8JQM3	Fasciclin-like arabinogalactan protein 10	108359	108303	0.9940	0.00	UNCHANGED
A0A8B8L7N9	Ferredoxin-dependent glutamate synthase, chloroplastic isoform X1	195644	187969	0.3872	-0.06	UNCHANGED
A0A8B8KMN4	Ferredoxin--NADP reductase, leaf isozyme, chloroplastic	31330	35549	0.4444	0.18	UNCHANGED
A0A8B8M5H8	Ferredoxin--NADP reductase, leaf isozyme, chloroplastic	36134	42523	0.5106	0.23	UNCHANGED
A0A8B8M696	Fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic	15012	18774	0.0452	0.32	UNCHANGED
A0A8B8LFE7	Fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic	192274	271281	0.0065	0.50	UNCHANGED
A0A8B8LI95	Fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic	183459	216354	0.0191	0.24	UNCHANGED
A0A8B8M3B5	Fructose-bisphosphate aldolase 3, chloroplastic	170483	238349	0.0150	0.48	UNCHANGED
A0A8B8KZV4	Fructose-bisphosphate aldolase 6, cytosolic	38557	25127	0.4601	-0.62	UNCHANGED
A0A8B8MCX0	Fructose-bisphosphate aldolase 6, cytosolic-like	109353	93829	0.3800	-0.22	UNCHANGED
A0A8B8JD40	Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme	15908	12842	0.2758	-0.31	UNCHANGED
A0A8B8M387	Gamma aminobutyrate transaminase 3, chloroplastic	70301	71731	0.8474	0.03	UNCHANGED
A0A8B8JMF8	Glucose-1-phosphate adenyltransferase large subunit 3, chloroplastic/amyloplastic	16732	16703	0.9850	0.00	UNCHANGED

Continuação

A0A8B8LG12	Glucose-6-phosphate isomerase 1, chloroplastic	13835	15572	0.5799	0.17	UNCHANGED
A0A8B8LT84	Glutamate decarboxylase	117287	83978	0.0002	-0.48	UNCHANGED
A0A8B8JSH4	Glutamate decarboxylase 1	53742	45942	0.0462	-0.23	UNCHANGED
A0A8B8JRA7	Glutamate decarboxylase 1	5533	6457	0.3726	0.22	UNCHANGED
A0A8B8LJL0	Glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase, chloroplastic	79666	91113	0.0991	0.19	UNCHANGED
A0A8B8KCL3	Glutamate--cysteine ligase, chloroplastic	28278	38710	0.1488	0.45	UNCHANGED
A0A8B8M163	Glutamate--glyoxylate aminotransferase 2	99611	116476	0.0351	0.23	UNCHANGED
A0A8B8L8Z2	Glutamine synthetase leaf isozyme, chloroplastic	164938	200777	0.2742	0.28	UNCHANGED
A0A8B8JV0	Glutamine synthetase nodule isozyme	56154	56486	0.9826	0.01	UNCHANGED
A0A8B8KMH5	Glutathione reductase, cytosolic	169362	167516	0.8929	-0.02	UNCHANGED
A0A8B8KVI0	Glutelin type-A 1	12237	10749	0.1041	-0.19	UNCHANGED
A0A8B8LMK7	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic	194637	237247	0.0101	0.29	UNCHANGED
A0A8B8KYV4	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic	115363	83920	0.0144	-0.46	UNCHANGED
A0A8B8LM44	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B, chloroplastic	122530	100295	0.0429	-0.29	UNCHANGED
A0A8B8KBC6	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPCP1, chloroplastic-like	104069	65094	0.3262	-0.68	UNCHANGED
A0A8B8L6H4	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic	305719	254502	0.0404	-0.26	UNCHANGED
A0A8B8K451	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic	240707	170374	0.0257	-0.50	UNCHANGED
A0A8B8LR62	Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic-like	275252	188811	0.0248	-0.54	UNCHANGED
A0A8B8MGT9	Glycerate dehydrogenase	47464	57130	0.0838	0.27	UNCHANGED
A0A8B8K8A3	Glycerophosphodiester phosphodiesterase GDPDL3-like	96843	95324	0.9091	-0.02	UNCHANGED
A0A8B8LEF0	Glycine dehydrogenase (decarboxylating), mitochondrial	308870	308612	0.9932	0.00	UNCHANGED
A0A8B8L1S5	Glycine--trna ligase, mitochondrial 1	34868	26232	0.1859	-0.41	UNCHANGED
A0A8B8K1J4	Granule-bound starch synthase 1, chloroplastic/amyloplastic-like	32468	44155	0.1617	0.44	UNCHANGED
A0A8B8LC24	GTP-binding nuclear protein Ran-3	32729	26357	0.2953	-0.31	UNCHANGED
A0A8B8JE41	GTP-binding protein SAR1A-like	36722	26125	0.3296	-0.49	UNCHANGED
A0A8B8KDU1	Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein	101499	94981	0.1905	-0.10	UNCHANGED
A0A8B8KNN9	Guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor At5g09550	61862	38964	0.0822	-0.67	UNCHANGED

Continuação

A0A8B8KNM4	Heat shock 70 kda protein	108557	121532	0.0293	0.16	UNCHANGED
A0A8B8K8V9	Heat shock 70 kda protein 15-like	88405	93989	0.6130	0.09	UNCHANGED
A0A8B8JIM6	Heat shock 70 kda protein, mitochondrial	31407	31436	0.9914	0.00	UNCHANGED
A0A8B8K6Z6	Heat shock 70 kda protein-like	6230	7697	0.0234	0.31	UNCHANGED
A0A8B8KZY7	Heat shock cognate 70 kda protein	3215	4678	0.0005	0.54	UNCHANGED
A0A8B8L299	Heat shock cognate 70 kda protein 2	295134	296159	0.9625	0.01	UNCHANGED
A0A8B8L9L4	Heat shock cognate 70 kda protein 2	132639	94209	0.0025	-0.49	UNCHANGED
A0A8B8L9M0	Heat shock cognate 70 kda protein-like isoform X3	130458	89880	0.0057	-0.54	UNCHANGED
A0A8B8JRW2	Heat shock cognate protein 80	205889	175876	0.0525	-0.23	UNCHANGED
A0A8B8JD70	Heat shock cognate protein 80	211848	206761	0.6178	-0.04	UNCHANGED
A0A8B8LSV7	Heat shock protein 83	240965	251389	0.3239	0.06	UNCHANGED
A0A8B8LTM7	Heat shock protein 90-5, chloroplastic	30227	29884	0.9432	-0.02	UNCHANGED
A0A8B8KXZ6	Histone H2B	155573	127032	0.3107	-0.29	UNCHANGED
A0A8B8JDI5	Histone H4-like	147191	196768	0.0482	0.42	UNCHANGED
A0A8B8LMP1	Hypersensitive-induced response protein-like protein 2	43058	32848	0.0277	-0.39	UNCHANGED
A0A8B8LYL3	Isocitrate dehydrogenase [NAD] regulatory subunit 1, mitochondrial isoform X2	39034	31993	0.2304	-0.29	UNCHANGED
A0A8B8JP22	Isocitrate dehydrogenase [NADP]	70114	84501	0.1051	0.27	UNCHANGED
A0A8B8K8R9	Isocitrate dehydrogenase [NADP]	52353	54373	0.8418	0.05	UNCHANGED
A0A8B8KC36	Ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic	59474	62087	0.7519	0.06	UNCHANGED
A0A8B8LI60	L-ascorbate oxidase homolog	101262	119174	0.0759	0.23	UNCHANGED
A0A8B8LCL1	L-ascorbate oxidase homolog	77633	102657	0.0227	0.40	UNCHANGED
A0A8B8JGR3	L-ascorbate oxidase homolog	33870	37160	0.5494	0.13	UNCHANGED
A0A8B8JI81	Leucine aminopeptidase 1-like	90987	85725	0.7755	-0.09	UNCHANGED
A0A8B8KJJ0	Luminal-binding protein	99667	96615	0.8737	-0.04	UNCHANGED
A0A8B8KJ96	Luminal-binding protein	6898	7438	0.1544	0.11	UNCHANGED
A0A8B8JGL9	Malate dehydrogenase, chloroplastic	73506	82295	0.2047	0.16	UNCHANGED
A0A8B8M859	Malate dehydrogenase, cytoplasmic	526840	472998	0.2378	-0.16	UNCHANGED

Continuação

A0A8B8M582	Malate dehydrogenase, cytoplasmic	48103	44359	0.0326	-0.12	UNCHANGED
A0A8B8JYI0	Malate dehydrogenase, cytoplasmic-like isoform X1	54173	38435	0.0022	-0.50	UNCHANGED
A0A8B8LTQ1	Malate dehydrogenase, glyoxysomal	176443	167621	0.7175	-0.07	UNCHANGED
A0A8B8LC79	Malate dehydrogenase, mitochondrial	67876	42524	0.1719	-0.67	UNCHANGED
A0A8B8M8X1	Methylenetetrahydrofolate reductase 2-like	110720	100823	0.2854	-0.14	UNCHANGED
A0A8B8KA85	Mitochondrial-processing peptidase subunit alpha	67240	74352	0.4187	0.15	UNCHANGED
A0A8B8MFQ7	Monodehydroascorbate reductase	175254	157729	0.1106	-0.15	UNCHANGED
A0A8B8K9L9	Monodehydroascorbate reductase, chloroplastic/mitochondrial	74508	69221	0.1886	-0.11	UNCHANGED
A0A8B8JW75	NAD-dependent malic enzyme 59 kda isoform, mitochondrial	38421	48523	0.2176	0.34	UNCHANGED
A0A8B8L8D9	NAD-dependent malic enzyme 59 kda isoform, mitochondrial	40635	30082	0.0099	-0.43	UNCHANGED
A0A8B8JS08	NAD-dependent malic enzyme 62 kda isoform, mitochondrial	34610	40144	0.7040	0.21	UNCHANGED
A0A8B8JK56	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	106969	78885	0.0257	-0.44	UNCHANGED
A0A8B8JEI7	NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase	78432	89764	0.0398	0.19	UNCHANGED
A0A8B8K9V7	NADP-dependent malic enzyme	291377	259702	0.0432	-0.17	UNCHANGED
A0A8B8LEJ5	NADP-dependent malic enzyme isoform X2	329698	276027	0.0507	-0.26	UNCHANGED
A0A8B8KK04	NADP-dependent malic enzyme-like	11523	12100	0.4105	0.07	UNCHANGED
A0A8B8JYB8	NADP-dependent malic enzyme-like	23530	24023	0.8227	0.03	UNCHANGED
A0A8B8L2R0	Outer plastidial membrane protein porin	46480	36427	0.2992	-0.35	UNCHANGED
A0A8B8KNS3	Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic	97329	166437	0.0671	0.77	UNCHANGED
A0A8B8LL80	Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP38, chloroplastic	39118	49953	0.2441	0.35	UNCHANGED
A0A8B8MBA1	Phenylalanine ammonia-lyase 2	48375	47709	0.8819	-0.02	UNCHANGED
A0A8B8KMF6	Phosphoenolpyruvate carboxylase 2	31522	19422	0.3291	-0.70	UNCHANGED
A0A8B8M699	Phosphoglucomutase, chloroplastic	50191	51006	0.8996	0.02	UNCHANGED
A0A8B8K817	Phosphoglucomutase, cytoplasmic	74954	55418	0.0087	-0.44	UNCHANGED
A0A8B8K9L1	Phosphoglycerate kinase	322010	431592	0.0051	0.42	UNCHANGED
A0A8B8K9R3	Phosphoglycerate kinase, cytosolic	229230	216787	0.5043	-0.08	UNCHANGED
A0A8B8L2K5	Phosphoglycolate phosphatase 1B, chloroplastic-like	52729	69296	0.0512	0.39	UNCHANGED
A0A8B8M0L0	Phosphoribulokinase, chloroplastic	49833	38465	0.4431	-0.37	UNCHANGED

Continuação

A0A8B8KV84	Phosphoserine aminotransferase 2, chloroplastic	46618	55994	0.3367	0.26	UNCHANGED
A0A8B8JM15	Photosystem II 22 kda protein, chloroplastic	161866	228565	0.0106	0.50	UNCHANGED
A0A8B8JEL8	Plasma membrane atpase 4	15701	21911	0.0922	0.48	UNCHANGED
A0A8B8LGH4	Plasma membrane atpase 4	15746	12113	0.1344	-0.38	UNCHANGED
A0A8B8M489	Plastid-lipid-associated protein, chloroplastic-like	42714	45686	0.5424	0.10	UNCHANGED
A0A8B8KKC6	Probable fructokinase-4	20847	19458	0.4866	-0.10	UNCHANGED
A0A8B8JEP5	Probable fructokinase-6, chloroplastic	103746	125894	0.1612	0.28	UNCHANGED
A0A8B8K9E3	Probable lactoylglutathione lyase, chloroplastic	56982	31489	0.4065	-0.86	UNCHANGED
A0A8B8KCS3	Probable NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1-like 1	86970	65472	0.0763	-0.41	UNCHANGED
A0A8B8LX70	Probable NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1-like 2	60345	59106	0.8072	-0.03	UNCHANGED
A0A8B8LXW6	Probable UDP-arabinopyranose mutase 1	25565	10067	0.2551	-1.34	UNCHANGED
A0A8B8JY28	Programmed cell death protein 4	18976	20909	0.5426	0.14	UNCHANGED
A0A8B8JXS1	Proliferating cell nuclear antigen	103050	97099	0.4823	-0.09	UNCHANGED
A0A8B8JEC1	Proteasome subunit alpha type-1-B-like	170399	122087	0.0535	-0.48	UNCHANGED
A0A8B8LQ07	Proteasome subunit beta type-2-A	51991	31716	0.1160	-0.71	UNCHANGED
A0A8B8MHP8	Proteasome subunit beta type-5	52149	38707	0.1582	-0.43	UNCHANGED
A0A8B8LEI2	Proteasome subunit beta type-6	57678	42988	0.0330	-0.42	UNCHANGED
A0A8B8KAP1	Puromycin-sensitive aminopeptidase isoform X4	91961	84683	0.4774	-0.12	UNCHANGED
A0A8B8M4J2	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha	82327	77746	0.6093	-0.08	UNCHANGED
A0A8B8K5L2	Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta	32708	24820	0.0038	-0.40	UNCHANGED
A0A8B8L1B8	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta, mitochondrial	69839	68693	0.7491	-0.02	UNCHANGED
A0A8B8MM28	Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit beta-3, chloroplastic	22460	21053	0.7167	-0.09	UNCHANGED
A0A8B8M9U8	Pyruvate kinase 1, cytosolic	46461	51586	0.4370	0.15	UNCHANGED
A0A8B8L6A4	Pyruvate kinase 1, cytosolic-like isoform X2	108345	98067	0.2479	-0.14	UNCHANGED
A0A8B8LMR5	Pyruvate kinase, cytosolic isozyme	113053	99167	0.2736	-0.19	UNCHANGED
A0A8B8LQA7	Ras-related protein Rab7	29336	31055	0.7999	0.08	UNCHANGED

Continuação

A0A8B8K6A4	Ras-related protein RABA2a	7037	5935	0.6420	-0.25	UNCHANGED
A0A8B8JRU3	Ras-related protein RABA3-like	141033	155178	0.1945	0.14	UNCHANGED
A0A8B8JID6	Ras-related protein RABB1c	34051	37409	0.3950	0.14	UNCHANGED
A0A8B8JEW6	Ras-related protein RABC1	9883	8137	0.0883	-0.28	UNCHANGED
A0A8B8K762	Ras-related protein RABD1	16525	13727	0.0059	-0.27	UNCHANGED
A0A8B8JWH0	Ras-related protein RABD2c	23128	22125	0.3565	-0.06	UNCHANGED
A0A8B8KZ47	Ras-related protein RABE1c	23282	23654	0.7734	0.02	UNCHANGED
A0A8B8K4X4	Ribosomal protein L2	11947	18193	0.1945	0.61	UNCHANGED
A0A8B8LT76	Ribulose biphosphate carboxylase small chain 1, chloroplastic	192214	269056	0.0810	0.49	UNCHANGED
A0A8B8JZV8	Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase 2, chloroplastic-like	20894	20057	0.8425	-0.06	UNCHANGED
A0A8B8JYK3	Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase, chloroplastic	63045	87733	0.2377	0.48	UNCHANGED
A0A8B8JJ55	Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase, chloroplastic-like	206447	270943	0.1828	0.39	UNCHANGED
A0A8B8KQ17	Rubisco large subunit-binding protein subunit alpha	142411	156758	0.8468	0.14	UNCHANGED
A0A8B8KMM0	Rubisco large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic	210055	262487	0.0407	0.32	UNCHANGED
A0A8B8JT17	Sedoheptulose-1,7-bisphosphatase, chloroplastic	133915	160137	0.3659	0.26	UNCHANGED
A0A8B8JUS2	Selenium-binding protein 1	34157	23067	0.0610	-0.57	UNCHANGED
A0A8B8JUX4	Serine hydroxymethyltransferase 4	21568	16333	0.4816	-0.40	UNCHANGED
A0A8B8KUL6	Serine hydroxymethyltransferase, mitochondrial	13707	14272	0.8333	0.06	UNCHANGED
A0A8B8K6A5	Stromal 70 kda heat shock-related protein, chloroplastic	359996	420884	0.0391	0.23	UNCHANGED
A0A8B8KNS8	Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit 1, mitochondrial	25448	20873	0.2064	-0.29	UNCHANGED
A0A8B8LQT7	Succinate--coa ligase [ADP-forming] subunit alpha, mitochondrial	83262	77559	0.3560	-0.10	UNCHANGED
A0A8B8JQ10	Sucrose synthase	95169	75062	0.2217	-0.34	UNCHANGED
A0A8B8KDV0	T-complex protein 1 subunit delta	51154	46728	0.3303	-0.13	UNCHANGED
A0A8B8JEG5	T-complex protein 1 subunit eta	31348	33354	0.1913	0.09	UNCHANGED
A0A8B8MET3	Thiamine thiazole synthase 2, chloroplastic-like	53597	42684	0.0842	-0.33	UNCHANGED

Continuação

A0A8B8L719	Transaldolase	142692	135336	0.5116	-0.08	UNCHANGED
A0A8B8MG77	Transketolase, chloroplastic	275207	341599	0.0318	0.31	UNCHANGED
A0A8B8JUE5	Transketolase, chloroplastic	278913	322543	0.0365	0.21	UNCHANGED
A0A8B8MIH6	Triosephosphate isomerase, chloroplastic	205222	162023	0.1199	-0.34	UNCHANGED
A0A8B8L3C1	Triosephosphate isomerase, chloroplastic	24588	13134	0.1469	-0.90	UNCHANGED
A0A8B8KPX1	Tubulin alpha chain	264593	215111	0.0032	-0.30	UNCHANGED
A0A8B8KNA2	Tubulin alpha-3 chain	153106	127062	0.0575	-0.27	UNCHANGED
A0A8B8JR65	Tubulin beta chain	54177	45323	0.1372	-0.26	UNCHANGED
A0A8B8JM02	Tubulin beta chain	255470	272884	0.2936	0.10	UNCHANGED
A0A8B8KV79	Tubulin beta chain	104798	106809	0.8784	0.03	UNCHANGED
A0A8B8KKS5	Tubulin beta chain-like	20151	17855	0.7215	-0.17	UNCHANGED
A0A8B8K837	Tubulin beta-1 chain	5664	4244	0.0144	-0.42	UNCHANGED
A0A8B8KYX4	Tubulin beta-5 chain	279616	331990	0.0138	0.25	UNCHANGED
A0A8B8KZJ4	Ubiquitin-60S ribosomal protein L40	106812	105604	0.8300	-0.02	UNCHANGED
A0A8B8JRJ5	Ubiquitin-activating enzyme E1 1	29821	29629	0.9621	-0.01	UNCHANGED
A0A8B8L381	UDP-arabinopyranose mutase 1	59006	20875	0.2436	-1.50	UNCHANGED
A0A8B8K2S4	UDP-arabinopyranose mutase 3-like	49030	17890	0.2281	-1.45	UNCHANGED
A0A8B8K7P6	UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 2	20649	12154	0.3250	-0.76	UNCHANGED
A0A8B8L5U7	UDP-glucose 6-dehydrogenase 1	25971	23470	0.1395	-0.15	UNCHANGED
A0A8B8LNP0	UDP-glucose 6-dehydrogenase 1	39485	55932	0.0242	0.50	UNCHANGED
A0A8B8LWN9	UDP-glucose 6-dehydrogenase 4	25065	23786	0.2867	-0.08	UNCHANGED
A0A8B8JVJ0	Uroporphyrinogen decarboxylase	35021	38586	0.6851	0.14	UNCHANGED
A0A8B8KKK4	V-type proton atpase catalytic subunit A	176602	142922	0.0291	-0.31	UNCHANGED
A0A8B8LFK6	V-type proton atpase subunit B 1	207450	159462	0.0128	-0.38	UNCHANGED
A0A8B8L214	V-type proton atpase subunit d2	25343	25510	0.9466	0.01	UNCHANGED

As proteínas foram consideradas up-acumuladas quando o valor \log_2 do fold change (FC) foi maior do que 0,6 e como down-acumuladas quando o valor \log_2 do FC foi menor do que -0,6, conforme determinado pelo teste t de Student (bilateral; $P < 0,05$).