



**UFAM**

UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS  
PROGRAMA MULTI-INSTITUCIONAL DE PÓSGRADUAÇÃO EM  
BIOTECNOLOGIA – PPGBIOTEC  
CENTRO DE APOIO MULTIINSTITUCIONAL – CAM  
LABORATÓRIO DE PROTEÔMICA - LAPROT

**ESTUDO PROTEÔMICO DE CALOS, FOLHAS E GALHOS DE**

*Duroia macrophylla* **HUBER (Rubiaceae)**

**LUCYANNA MOURA COELHO**

MANAUS – AMAZONAS

2018

**LUCYANNA MOURA COELHO**

**Estudo proteômico de calos, folhas e galhos de**

*Duroia macrophylla* Huber (Rubiaceae)

Tese apresentada à Universidade Federal do Amazonas, Programa Multi-Institucional de Pós-Graduação em Biotecnologia, para a obtenção do TÍTULO DE DOUTOR – Área de concentração: Agroflorestal

Orientador: Dr. Edmar Vaz de Andrade

Coorientadora: Dra. Cecilia Veronica Nunez

MANAUS – AMAZONAS

2018

### Ficha Catalográfica

Ficha catalográfica elaborada automaticamente de acordo com os dados fornecidos pelo(a) autor(a).

C672e Coelho, Lucyanna Moura  
Estudo Proteômico de Calos, Folhas e Galhos de *Duroia macrophylla* Huber (Rubiaceae) / Lucyanna Moura Coelho.  
2018  
241 f.: il. color; 31 cm.

Orientador: Edmar Vaz de Andrade  
Coorientador: Cecilia Veronica Nunez  
Tese (Doutorado em Biotecnologia) - Universidade Federal do Amazonas.

1. Metabolismo secundário. 2. Proteoma vegetal. 3. Puruí. 4. Defesa da planta. I. Andrade, Edmar Vaz de II. Universidade Federal do Amazonas III. Título



**Poder Executivo**  
**Ministério da Educação**  
**Universidade Federal do Amazonas**  
**Programa Multi-Institucional de Pós-Graduação em Biotecnologia**



### 241ª. ATA DE DEFESA DE TESE

No dia 20 de dezembro (quinta-feira) de 2018, às 9h, no auditório da Biotecnologia, Bloco “M”, Setor Sul – UFAM. **Lucyanna Moura Coelho** defendeu sua Tese de Doutorado intitulada: “**Estudo proteômico de calos, folhas e galhos de *Duroia macrophylla* Huber (Rubiaceae).**”

**Banca de Examinadores:**

Membros	Parecer	Assinatura
Prof. Dr. Edmar Vaz de Andrade - Presidente	Aprovada (X) Reprovada ( )	Assinatura: <u>Edmar Vaz de Andrade</u> CPF: <u>469.573.751-53</u>
Prof. Dr. Jorge Luiz Lopes-Lozano – FMT	Aprovada (X) Reprovada ( )	Assinatura: <u>Jorge Luiz Lopes-Lozano</u> CPF: <u>475762352-68</u>
Prof. Dr. Júlio Cezar Souza – INPA	Aprovada (X) Reprovada ( )	Assinatura: <u>Júlio Cezar Souza</u> CPF: <u>027.743.449-28</u>
Profa. Dra. Daiane Martins – INPA	Aprovada (X) Reprovada ( )	Assinatura: <u>Daiane Martins Ramos</u> CPF: <u>009.026.149-67</u>
Prof. Dr. Diego Sotero de Barros Pinangé – UFAM	Aprovada (X) Reprovada ( )	Assinatura: <u>Diego Sotero de Barros Pinangé</u> CPF: <u>013.303.394-52</u>

Manaus, 20 de dezembro de 2018.

**Resultado Final:** Aprovado(a) (X)  
Reprovado(a) ( )

UNIVERSIDADE FEDERAL DO AMAZONAS  
 Programa Multi-Institucional de Pós-graduação em Biotecnologia  
 2018  
 Prof. Dr. Diego Sotero de Barros Pinangé  
 Av. Gal. Rodrigo Otávio Jordão Ramos, 3000, Coroado, Campus Universitário, Bloco M Setor Sul, UFAM  
 CEP: 69077-000 – Manaus/AM Telefones: (92) 99128-7527 e-mail: ppg\_biotec.ufam@yahoo.com.br

Coordenador do PPGBIOTEC/UFAM



*Dedico*

*Aos meus pais Orlando e Eliete, e*

*Aos meus filhos Victor e Lunna*

## AGRADECIMENTOS

À Deus.

À minha família pela compreensão, carinho e incentivo.

Aos meus orientadores Dr. Edmar e Dra. Cecilia pelos conselhos e por terem acreditado em mim.

À Universidade Federal do Amazonas, em especial ao Programa de Pós-Graduação em Biotecnologia pela oportunidade.

À Fundação de Amparo à pesquisa do Amazonas pelo financiamento.

À Dra. Adriana Paes Leme, coordenadora do Laboratório de Espectrometria de Massas, Dra. Bianca e Msc. Romênia do Laboratório Nacional de Biociências – LNBio

Aos colegas do Laboratório de Proteômica, Belle, Anita, Júlio Nino, Genilton, Jeff, Felipe, Rejane, Larissa, Maurício e Dina pelo apoio, amizade e pelas valiosas sugestões.

Aos colegas do Laboratório de Cultura de Tecidos do Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, Carol, Julio, Cristine, Priscila e Sabrina pelos ensinamentos.

Aos amigos queridos de longa data, Magna, Luciana, Keith e Sueny que acompanharam minha caminhada até aqui.

E ao meu bem Rogério Cavalcante pela paciência, compreensão, incentivo e companheirismo, principalmente, nos momentos finais dessa jornada.

*"Em algum lugar, alguma coisa incrível está  
esperando para ser descoberta."*

*Carl Sagan*

## RESUMO

*Duroia macrophylla* é uma Rubiaceae que vem se destacando com descobertas da presença de metabólitos secundários como alcaloides, flavonoides e terpenos. E estes metabólitos têm sua importância na exploração de moléculas com alvos terapêuticos para a pesquisa de novos medicamentos. Sendo assim, o objetivo deste trabalho é analisar calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* Huber, visando o conhecimento das proteínas relacionadas à produção dos metabólitos secundários por meio da análise proteômica. Neste trabalho, utilizou-se a técnica de eletroforese uni e bidimensional seguida da identificação das bandas e spots por espectrometria de massas. Das 3.024 proteínas identificadas neste trabalho, 364 são de defesa e resposta ao estresse e 51 do metabolismo secundário nos três tecidos estudados. Dentre as proteínas envolvidas na produção de alcaloides, foram identificadas em calos, a cafeína sintase e a deacetoxivindolina hidroxilase que é uma enzima catalizadora para a produção de vindolina e vincristina, pertencente às vias biossintéticas da cafeína e dos alcaloides indólicos, respectivamente. Isto confirma que os calos possuem capacidade de produzir metabólitos secundários de interesse farmacêutico. Este trabalho descreveu pela primeira vez a análise proteômica para calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* por meio de espectrometria de massas.

**Palavras-chave:** metabolismo secundário, proteoma vegetal, puruí.

## ABSTRACT

*Duroia macrophylla* is a Rubiaceae that has been highlighted with discoveries of the presence of secondary metabolites like alkaloids, flavonoids and terpenes. These metabolites have their importance in the exploration of molecules with therapeutic targets for the research of new medicines. Thus, the objective of this work is to analyze callus, leaves and branches of *D. macrophylla* Huber, aiming the knowledge of the proteins related to the production of the secondary metabolites through the proteomic analysis. In this work, the uni and bidimensional electrophoresis technique was used followed by identification of bands and spots by mass spectrometry. Of the 3,024 proteins identified in this study, 364 are of defense and response to stress and 51 of secondary metabolism in the three tissues studied. Among the proteins involved in the production of alkaloids, caffeine synthase and deacetoxyvindoline hydroxylase have been identified in callus, which is a catalytic enzyme for the production of vincristine and vincristine, belonging to the biosynthetic pathways of caffeine and indole alkaloids, respectively. This confirms that callus has the ability to produce secondary metabolites of pharmaceutical interest. This work described for the first time the proteomic analysis for callus, leaves and branches of *D. macrophylla* by means of mass spectrometry.

**Key words:** secondary metabolism, plant proteomics, puruí.

## LISTA DE FIGURAS

<b>Figura 1.</b> Distribuição geográfica mundial da família Rubiaceae.....	4
<b>Figura 2.</b> Subfamílias e tribos da família Rubiaceae.....	5
<b>Figura 3.</b> Espécie <i>D. macrophylla</i> Huber.....	7
<b>Figura 4.</b> Esquema geral das vias de biossíntese do metabolismo vegetal secundário e suas conexões com o metabolismo primário.....	13
<b>Figura 5.</b> Biossíntese dos metabólitos primário e secundário.....	15
<b>Figura 6.</b> Substâncias isoladas de <i>D. macrophylla</i> .....	16
<b>Figura 7.</b> Representação esquemática da estrutura de um flavonoide.....	21
<b>Figura 8.</b> Esquema da biossíntese dos compostos fenólicos.....	23
<b>Figura 9.</b> Representação esquemática das duas rotas metabólicas referente à síntese de terpenos/terpenoides.....	25
<b>Figura 10.</b> Esquema de gel de eletroforese bidimensional (2-DE).....	29
<b>Figura 11.</b> Calo de <i>D. macrophylla</i> .....	32
<b>Figura 12.</b> Perfil proteico de calos, folhas e galhos de <i>D. macrophylla</i> .....	40
<b>Figura 13.</b> Seleção de proteínas de calos, folhas e galhos de <i>D. macrophylla</i> por SDS-PAGE para identificação por MS/MS.....	42
<b>Figura 14.</b> Distribuição de proteínas identificadas em calos, folhas e galhos de <i>D. macrophylla</i> a partir de SDS-PAGE.....	43
<b>Figura 15.</b> Perfil proteômico de calos (A), folhas (B) e galhos (C) de <i>D. macrophylla</i> .....	45
<b>Figura 16.</b> Representação da classificação funcional da distribuição da anotação do GO para as proteínas identificadas (3.024) para processo biológico em calos, folhas e galhos de <i>D. macrophylla</i> .....	47

<b>Figura 17.</b> Diagrama de Venn das proteínas envolvidas na fotossíntese de calos, folhas e galhos de <i>D. macrophylla</i> .....	49
<b>Figura 18.</b> Fotossíntese.....	50
<b>Figura 19.</b> Via da Glicólise.....	51
<b>Figura 20.</b> Diagrama de Venn das proteínas de resposta ao estresse e defesa de calos, folhas e galhos de <i>D. macrophylla</i> .....	54
<b>Figura 21.</b> Proteínas envolvidas na síntese do metabolismo secundário de calos, folhas e galhos de <i>D. macrophylla</i> .....	61
<b>Figura 22.</b> Classificações das proteínas identificadas envolvidas nas biossíntese dos metabólitos secundários.....	63
<b>Figura 23.</b> Esquema da biossíntese de compostos fenólicos a partir de fenilalanina.....	65
<b>Figura 24.</b> Biossíntese dos flavonoides.....	66
<b>Figura 25.</b> Biossíntese dos isoflavonoides.....	67
<b>Figura 26.</b> Biossíntese das flavonas e flavonóis. ....	68
<b>Figura 27.</b> Biossíntese dos alcaloides indólicos.....	70
<b>Figura 28.</b> Via biossintética da vindolina de tabersonina.....	71
<b>Figura 29.</b> Biossíntese da cafeína.....	73
<b>Figura 30.</b> Biossíntese de alguns produtos naturais que requerem a presença do citocromo P450 incluindo cheilantifolina sintase (CFS).....	74
<b>Figura 31.</b> Via do mevalonato.....	77

## SUMÁRIO

<b>1 INTRODUÇÃO</b> .....	<b>1</b>
<b>2 OBJETIVOS</b> .....	<b>3</b>
2.1 Geral.....	3
2.2 Específicos.....	3
<b>3 REVISÃO DE LITERATURA</b> .....	<b>4</b>
3.1 Rubiaceae.....	4
3.1.1 <i>Duroia macrophylla</i> .....	6
3.2 Cultura de tecidos vegetais.....	8
3.3 Metabólitos secundários .....	11
3.3.1 Alcaloides .....	17
3.3.2 Substâncias fenólicas.....	20
3.3.3 Terpenos.....	24
3.4 Proteômica.....	26
3.4.1 Extração de proteínas totais de tecidos vegetais.....	27
3.4.2 Eletroforese bidimensional.....	27
3.4.3 Espectrometria de massas (EM).....	29
<b>4 MATERIAL E MÉTODOS</b> .....	<b>32</b>
4.1 Material vegetal.....	32
4.2 Obtenção do extrato proteico.....	33
4.3 SDS-PAGE .....	35
4.4 Géis 2-DE .....	36
4.5 Digestão das amostras .....	37
4.6 Espectrometria de massas.....	38
4.6.1 Amostras de SDS-PAGE .....	38
4.6.2 Amostras de geis 2-DE (Spots) .....	38
4.6.3 Das análises .....	39
<b>5 RESULTADOS E DISCUSSÃO</b> .....	<b>40</b>
5.1 Obtenção dos extratos proteicos de calos, folhas e galhos de <i>D. macrophylla</i> .....	40
5.2 Espectrometria de massas.....	42



5.2.1	Descrição dos principais grupos das proteínas identificadas de acordo com a categorização e vias associadas .....	48
<b>6</b>	<b>CONCLUSÃO .....</b>	<b>80</b>
<b>7</b>	<b>PERSPECTIVAS.....</b>	<b>82</b>
	<b>REFERÊNCIAS.....</b>	<b>83</b>
	<b>ANEXOS .....</b>	<b>108</b>

## 1 INTRODUÇÃO

A busca por novos fármacos obtidos a partir de produtos naturais exige novas estratégias no esforço de integrar ao mercado as importantes questões sociais ao mesmo tempo em que requerem a busca incessante de alternativas viáveis aos tratamentos de enfermidades. Neste contexto, deve ser levada em conta, tanto a exploração de novas moléculas e alvos terapêuticos para a pesquisa de novos medicamentos como o uso das plantas medicinais e de fitoterápicos.

De acordo com a IMS Health (2017), empresa que vistoria a indústria farmacêutica mundial, as vendas neste setor encerraram em 2015 em torno de US\$ 1.068,8 bilhões. Os Estados Unidos, a Europa Ocidental e o Japão, em 2014, detiveram cerca 70 % das vendas e as vinte maiores empresas, chamadas de “*big pharma*”, em torno de 60 % do mercado internacional. O órgão prevê que o Brasil, o qual ocupava o 10º lugar no mercado farmacêutico mundial em 2010, terá o 5º maior mercado em 2020.

O reino vegetal tem se destacado como uma grande fonte de substâncias farmacêuticas com as mais variadas atividades biológicas. Dos 868 novos fármacos aprovados entre 1981 e 2002, 40 % eram produtos naturais e 60 a 80 % de fármacos antibacterianos e anticancerígenos eram derivados dos metabólitos secundários de produtos naturais (NEWMAN e CRAGG, 2007, 2012, 2016).

Dentre as famílias de plantas com produção de metabólitos secundários, a Rubiaceae se destaca. As espécies dessa família possuem potencial farmacológico, principalmente pela produção de substâncias como alcaloides, terpenos, glicosídeos, ácidos quinóvicos, flavonoides e cumarinas com propriedades antibacterianas (HEITZMAN et al., 2005).

Os metabólitos secundários das Rubiaceae foram investigados cientificamente para atividades antimicrobianas e um grande número de produtos vegetais tem mostrado inibir o crescimento de microrganismos patogênicos (SHAJISELVIN e MUTHU, 2010; USHA et al., 2010;

CHOUDHURY et al., 2012). Uma pesquisa voltada às espécies de Rubiaceae revela que 48 dos 611 gêneros mostraram ampla gama de antibacterianos (CHOUDHURY et al., 2012) e atividades antimicobacterianas (MORAES et al., 2011).

Do gênero *Duroia*, há pesquisas descritas com *Duroia hirsuta*, que mostrou atividade antimicobacteriana contra *Mycobacterium phlei* (LOPEZ et al., 2001) e atividade antiviral contra o vírus *Herpes simplex* (HSV) em estudos *in vitro* (KHAN et al., 2005). *Duroia macrophylla* apresentou elevada atividade antimicobacteriana contra *Mycobacterium tuberculosis* e toxicidade sobre *Artemia salina*, tendo sido isolados triterpenos o ácido oleanólico e ursólico (MARTINS et al., 2015), alcaloides (NUNEZ et al., 2009, MARTINS et al., 2013) e o principal resultado obtido pelo grupo de pesquisa foi a patente de um alcaloide com atividade antitumoral (NUNEZ e VASCONCELOS, 2012) e um alcaloide com atividade antimicobacteriana e antioxidante (MARTINS et al., 2014).

Nesse sentido, os dados gerados pela proteômica podem auxiliar consideravelmente na compreensão e acompanhamento de eventos fisiológicos e para o desenvolvimento de estratégias biotecnológicas. Quanto aos seus metabólitos secundários e no preenchimento de lacunas como genomas ainda não sequenciados que podem fornecer numerosas pistas quanto à função e envolvimento de inúmeros genes nos processos biológicos estudados.

Além disso, os estudos em nível de proteoma associados ao metabolismo secundário podem fornecer informações importantes sobre a determinação das dinâmicas de alterações dos conteúdos de proteínas que podem culminar na otimização de protocolos e, conseqüentemente, permitir o emprego de ferramentas biotecnológicas.

Estes dados incentivam o aprofundamento do estudo em calos, folhas e galhos de *Duroia macrophylla* Huber, visando o conhecimento das proteínas relacionadas à produção dos metabólitos secundários por meio da análise proteômica.

## 2 OBJETIVOS

### 2.1 Geral

- Analisar as proteínas de calos, folhas e galhos *Duroia macrophylla* Huber.

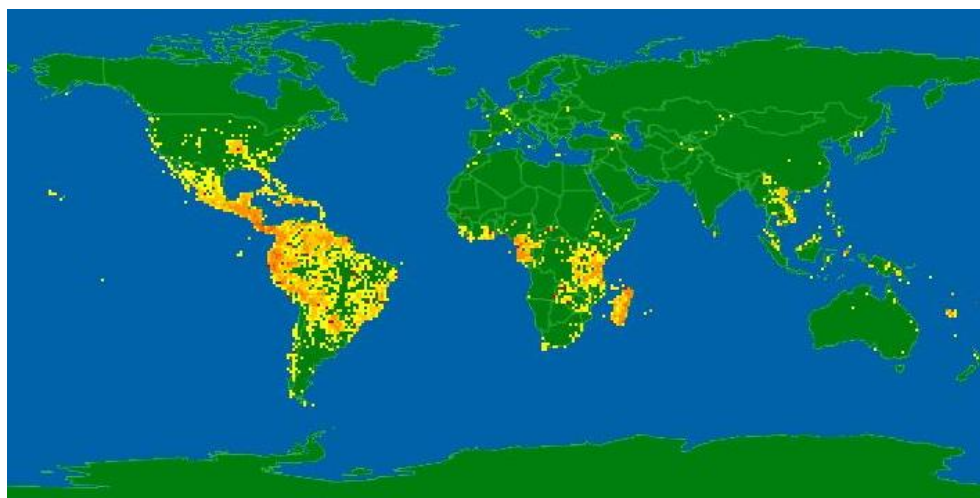
### 2.2 Específicos

- Obter os perfis proteômicos de calos, folhas e galhos por eletroforese 1D e 2D;
- Identificar as proteínas por meio de espectrometria de massas;
- Realizar a análise dos dados por ferramentas de bioinformática;
- Relacionar as proteínas identificadas com as vias metabólicas e os processos celulares envolvidos.

### 3 REVISÃO DE LITERATURA

#### 3.1 Rubiaceae

Rubiaceae é a quarta família em número de espécies nas Angiospermas depois das Orquidaceae, Asteraceae e Fabaceae. É composta por três subfamílias (Rubioideae, Ixoroideae e Cinchonoideae) e distribuídas em 44 tribos. No Brasil ocorrem cerca de 125 gêneros e 1.392 espécies. (BARBOSA et al., 2015). De acordo com dados de filogenia molecular e comparações morfológicas recentes houve a redução no número de gêneros para esta família, passando a serem considerados 611 gêneros e 13.100 espécies. Na Amazônia, esta família é representada por aproximadamente 258 espécies, sendo 174 endêmicas (NASCIMENTO, 2013). Esta família ocorre na maior parte do mundo, principalmente na região tropical, como mostra a **Figura 1**.

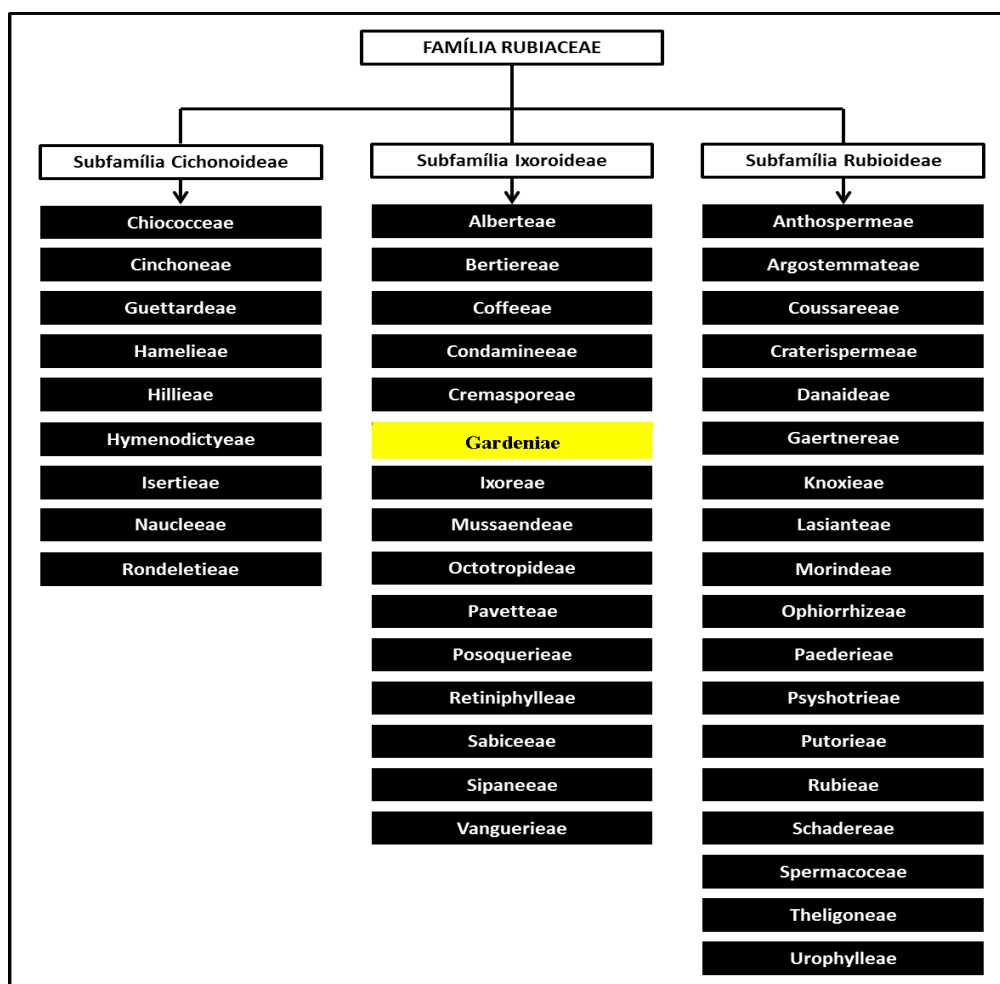


**Figura 1.** Distribuição geográfica mundial da família Rubiaceae. Em verde, a ausência de espécies; Em amarelo e em laranja, a presença de espécies. Fonte: TRÓPICOS, 2016.

A família Rubiaceae é cosmopolita, predominantemente pantropical e com uma pequena porção de espécies na distribuição extra-tropical. Quase a metade das espécies ocorre nos neotrópicos. Mais de 95 % de todas as espécies crescem nessas regiões diminuindo em direção ao sul (DELPRETE et al., 2004). Na América do Sul, elas estão adaptadas em todos os

ambientes: do páramo ao árido e ambientes desérticos. A família está, especialmente, distribuída na Bacia Amazônica, Andes, cerrados (incluindo campos rupestres), caatingas, restingas e florestas atlânticas do Brasil (DELPRETE e JARDIM, 2012).

A família é conhecida devido à importância econômica como, por exemplo, o café (*Coffea arabica*) e terapêutica de suas espécies, sendo amplamente utilizadas na medicina popular e na fabricação de fitofármacos e fitoterápicos, a unha de gato (*Uncaria tomentosa*) (OLIVEIRA, 2009). A classificação taxonômica da família Rubiaceae está dividida em três subfamílias, sendo elas Rubioideae, Cinchonoideae e Ixoroideae (MARTINS e NUNEZ, 2015), como mostrado na **Figura 2**.



**Figura 2.** Subfamílias e tribos da família Rubiaceae. Em destaque a tribo Gardeniae da subfamília Ixoroideae na qual a espécie *D. macrophylla* está classificada. Fonte: Martins e Nunez (2015).

As Rubiaceae contribuem com várias elucidações no que concerne à sua interação com o meio ambiente, devido a: 1) sua ampla distribuição, em termos de grande representação geográfica; 2) variação de hábito, sendo encontrada em forma de ervas anuais, perenes, arbustos, árvores e lianas; 3) forte representação em todos os tipos de vegetação (campo limpo, campo sujo, cerrado *stricto sensu*, cerradão, campo rupestre, vereda, floresta de encosta, floresta de galeria, floresta umbrófila densa com elementos amazônicos e áreas de depósitos fluviais de areia branca); 4) diversidade em termos taxonômicos; e, 5) a importância econômica que a família apresenta, como frutas comestíveis de grande potencial e plantas medicinais (DELPRETE et al., 2004).

### 3.1.1 *Duroia macrophylla*

O gênero *Duroia* pertence à subfamília Ixoroideae e tribo Gardenieae. Está distribuído pela Venezuela, Guiana e Brasil. Nascimento (2013) em seu trabalho com um inventário deste gênero, registrou 22 espécies de *Duroia* na Amazonia Brasileira: *D. amapana*, *D. aquatica*, *D. duckei*, *D. eriopila*, *D. fusifera*, *D. genipoides*, *D. gransabanensis*, *D. hirsuta*, *D. hirsutissima*, *D. kotchubaeoides*, *D. longiflora*, *D. macrophylla*, *D. maguirei*, *D. micrantha*, *D. nitida*, *D. palustris*, *D. paraensis*, *D. petiolares*, *D. prancei*, *D. saccifera*, *D. triflora* e *D. velutina*.

A espécie *Duroia macrophylla* Huber é uma árvore tropical conhecida como cabeça-de-urubu, apuruí ou puruí-grande-da-mata, que varia de cinco a vinte metros de altura e possui folhas amplas. É uma espécie nativa de algumas áreas da Amazônia especialmente na porção centro-sul e é uma frutífera tipicamente silvestre, não cultivada (CAVALCANTE, 1996; BAZE et al., 2003). Esta espécie ocorre nas Guianas e no Brasil, nos estados do Pará, Amapá, Rondônia e Amazonas. Na Reserva Ducke ocorre nas florestas de baixio, vertente e platô (TAYLOR et al., 2007).

Taylor e colaboradores (2007) caracterizam *D. macrophylla* como árvores 15 a 20 metros de altura, com 12 a 25 centímetros de diâmetro.

Possui tronco circular, base às vezes acanalada e digitada. Ritidoma marrom a marrom avermelhado, levemente fissurado, escamoso; exterior da casca marrom ou bege, fibrosa, 2 a 3 mm de espessura; casca internamente marrom, alaranjada ou rosada, 3 a 5 mm de espessura; albarno bege ou alvolaranjado; odor forte. Ramos quadrangulares, espessos, fistulosos, ferrugíneo-hirsutos. Estípulas 3 a 4 × 1,5 cm, ferrugíneo-tomentosas. Folhas ternadas, longamente pecioladas; pecíolo 5 a 8,5 cm de comprimento; lâmina ovada a lanceolada, 30 a 40 × 14 a 24 cm, coriácea, ápice acuminado, base obtusa, face adaxial glabra exceto as nervuras seríceas, face abaxial pubérula com as nervuras tomentosas; nervuras laterais 18 a 21 pares, impressas na face adaxial. Inflorescências estaminadas umbeladas, multifloras, 4,5 a 5,5 cm de comprimento. Flores estaminadas pediceladas, pedicelos 0,5 a 3 cm de comprimento; cálice truncado ou 6-denticulado, 1,5 cm de comprimento, seríceo; corola creme, 3 a 4 cm de comprimento, serícea, 6-lobada. Flores pistiladas não vistas. Bagas solitárias, sésseis, subglobosas ou elipsóides, 5,5 a 7,6 × 7 a 7,6 cm, ferrugíneo-tomentosas; sementes orbiculares, comprimidas e pubescentes. Detalhes de *Duroia macrophylla* Huber são mostrados na **Figura 3**.



**Figura 3.** Espécie *Duroia macrophylla* Huber. A. Indivíduo adulto; B. Detalhe das folhas; C. Fruto



A espécie *D. macrophylla* vem sendo estudada pelo grupo de pesquisa Sociedade-Natureza: bioprospecção, biotecnologia e dinâmicas econômicas e sociais do Instituto Nacional de Pesquisas na Amazônia – INPA com o intuito de encontrar e identificar substâncias que irão contribuir com novos fármacos já que esta espécie apresentou, em estudo recente, diferentes metabólitos secundários como triterpenos ácido ursólico e ácido oleanólico, com atividade citotóxica contra *Mycobacterium tuberculosis* (MARTINS et al., 2013); compostos aromáticos (fenóis e flavonoides), terpenos e alcalóides com atividade antioxidante, inseticida sobre *Sitophilus zeamais* e toxicidade frente à *Artemia salina* (MARTINS e NUNEZ, 2015). Desta espécie foram isolados alcaloides indólicos, sendo a raunitidina inédita na literatura (NUNEZ et al., 2009) que juntamente com outros alcaloides geraram duas patentes depositadas no INPA (NUNEZ e VASCONCELOS, 2012; MARTINS et al., 2013).

### **3.2 Cultura de tecidos vegetais**

O reconhecimento científico da eficácia terapêutica de muitos fitoterápicos e fitofármacos, associados a demandas por terapias naturais resultaram em um aumento do uso de plantas para fins medicinais. Conseqüentemente, cresce o interesse no aprimoramento de estratégias que permitam a obtenção de material vegetal com alta qualidade fitossanitária, disponibilizando matéria-prima uniforme e de maneira contínua. Neste sentido, destaca-se a cultura de tecidos vegetais, que compreende técnicas de cultivo de células, tecidos ou órgãos em meio nutritivo sob condições assépticas e controladas de luminosidade e temperatura.

Esta técnica representa uma alternativa para a propagação comercial de espécies de interesse econômico, entre as quais as medicinais com valor farmacológico reconhecido. O custo elevado é uma desvantagem, porém, a crescente demanda da indústria farmacêutica por plantas indexadas, isto é, livres de vírus com alta qualidade fitossanitária e fisiológica, bem como com capacidade de síntese de metabólitos secundários potencializada, por meio do melhoramento genético, justificam a sua utilização (LIMA et al., 2007).

Vários protocolos de micropropagação têm sido estudados para diversas espécies. No entanto, o sucesso deste processo depende de alguns fatores, como tipo de explante, meio de cultura, regulador de crescimento, condições de incubação, dentre outros (DESCHAMPS, 1993; KOMALAVALLI e RAO, 2000). Porém, para o desenvolvimento de protocolos de micropropagação de uma dada espécie, é necessário primeiro estabelecê-la *in vitro*. Espécies nativas e lenhosas apresentam certa dificuldade para este estabelecimento, em decorrência, principalmente, da oxidação e da contaminação (SATO et al., 2001). Para isso, várias substâncias com ação germicida, antibiótica e antioxidante têm sido utilizadas.

Com base em estudos fisiológicos e genéticos, o processo de organogênese *in vitro* é dividido em três fases distintas, com requerimento diferenciado de reguladores de crescimento vegetal exógeno: 1º) Desdiferenciação do tecido vegetal e aquisição de competência organogênica para proliferação e formação de raízes e parte aérea; 2º) As células desdiferenciadas, então, adquirem determinação para formar um órgão vegetal específico; 3º) Diferenciação e morfogênese vegetal. O uso de reguladores de crescimento vegetal depende do tipo de cultura que se pretende obter, e atua como fator que interfere tanto no desenvolvimento vegetal quanto na produção de metabólitos secundários (SUGIYAMA, 1999).

A cultura de tecidos *in vitro* pode ser vista como um sistema sustentável, pois preserva diversos recursos oriundos de produtos naturais, como vários tipos de células especializadas e importantes na manutenção e síntese de moléculas complexas (GUERRA e NODARI, 2006). De acordo com as condições da cultura, é possível desenvolver uma quantidade substancial de biomassa, possibilitando maiores níveis de produção de moléculas bioativas em comparação às plantas crescidas no campo, incluindo a produção de metabólitos secundários (JEONG e PARK, 2006; GEORGIEV et al., 2007; SRIVASTAVA e SRIVASTAVA, 2007; MISHRA e RANJAN, 2008; CONDORI et al., 2010).

Portanto, a produção de metabólitos secundários empregando cultura de células de plantas vem sendo amplamente estudada (CHARLET et al.,

2000; SLUIS e HAKE, 2015; FUENTEALBA et al., 2017). Melo e colaboradores (2011) fizeram um levantamento e documentaram 84 plantas da flora brasileira citadas como tendo atividade antitumoral. As plantas que produzem substâncias bioativas são frequentemente obtidas a partir de coleta predatória e indiscriminada (VILLAREAL et al., 1997). Por estes motivos, as pesquisas visando a produção destes metabólitos secundários em cultura são vantajosas tanto do ponto de vista ecológico como econômico.

Algumas espécies sintetizam os metabólitos secundários em concentrações muito baixas o que exige processos de extração dispendiosos e elaboração de formulações farmacêuticas complexas. Outras estão sob grave pressão antrópica, expostas à erosão genética e redução drástica de populações endêmicas o que dificulta a sua utilização em larga escala ou apresentam grande variabilidade genética e atividades fisiológicas, respondendo de modo muito diferente às condições ambientais vigentes, com alterações quanti e qualitativas nos metabólitos secundários o que dificulta a obtenção de droga padronizada (PASSINHO-SOARES et al., 2006, CAVALLARI et al., 2008).

Segundo Holeski et al, (2012), grande parte da variação qualitativa e quantitativa do metabolismo secundário em uma espécie ocorre entre os tipos de tecidos e estágios ontogenéticos, e entre os ciclos circadiano e anual. A teoria ótima de defesa sugere que diferentes tecidos vegetais são defendidos de acordo com seu valor para a planta, os custos de defesa e o risco de ataque de herbívoros ou patógenos (RHOADES e CATES, 1976). Esses fatores mudam ao longo da ontogenia das plantas e, portanto, também as concentrações de metabólitos secundários (BARTON e KORICHEVA, 2010). A idade e o tamanho da planta também podem influenciar as concentrações de PSM, seja como estratégia de histórico de vida ou como consequência da mudança na disponibilidade de recursos (ANDREW et al., 2007).

Em um estudo realizado por Zanca (2015), o estabelecimento *in vitro* de calos de *D. macrophylla*, originados de explantes foliares jovens, foi possível com a combinação de uma pré-desinfestação utilizando fungicida, atingindo 50 % de eficiência e os calos foram obtidos a partir da combinação

dos hormônios 2,4-diclorofenoxiacético e cinetina. Os calos de *D. macrophylla*, sob esta condição, produziram terpenos e não apresentaram atividade tóxica, antioxidantes e antibacterianos para as bactérias testadas.

Sendo assim, a cultura de células de plantas fornece uma série de vantagens sobre os estudos com plantas íntegras, incluindo a geração de material necessário para os estudos em médio prazo, células indiferenciadas, estado de desenvolvimento das células relativamente uniformes, ausência da interferência de microrganismos, e mais importante, o ciclo vegetativo reduzido (CROTEAU et al., 2000). Estas culturas de células de plantas podem sintetizar grandes quantidades de metabólitos secundários e isto é muito favorável em relação à produção na planta, para as quais o espaço de tempo para o acúmulo destes metabólitos pode variar de uma estação, para plantas anuais, ou diversos anos no caso das plantas perianuais, como por exemplo, as árvores. Nas culturas de células de plantas as taxas de biossíntese podem ser aumentadas, facilitando grandemente os estudos (SANTOS et al., 2007).

### **3.3 Metabólitos secundários**

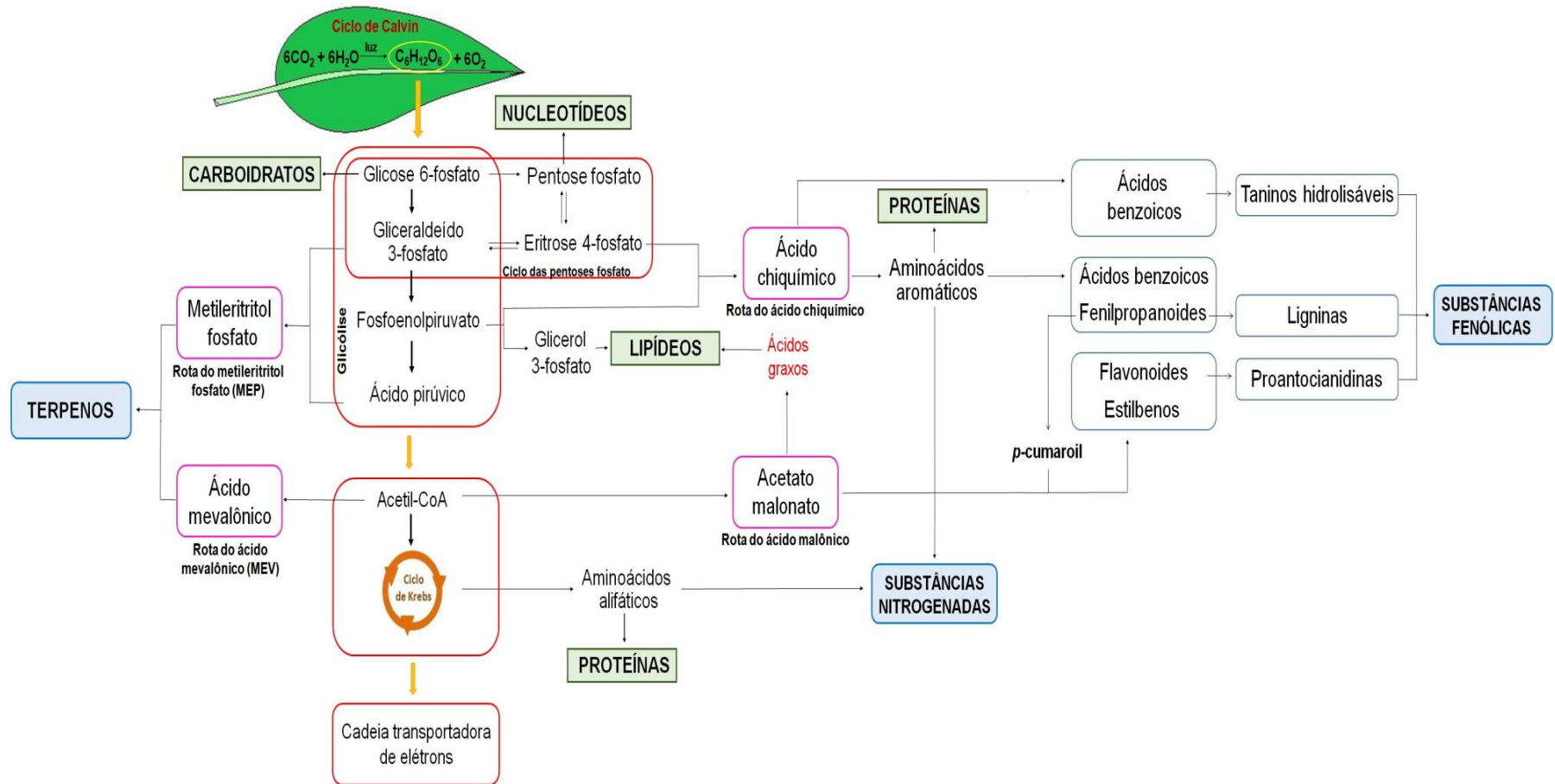
Numa dada espécie vegetal, a soma total dos efeitos de todos os genes representa o fenótipo desta planta e, uma maneira de definir o fenótipo em um momento qualquer da vida desta planta (organismo) é defini-la em nível das moléculas presentes ou por meio da morfologia da planta. Se por um lado os metabólitos primários representam a estrutura do organismo, os secundários são mais especializados e estão envolvidos na interação das células e do organismo com o meio ambiente, ou seja, são substâncias sinalizadoras, embora muitas possuam papéis não elucidados e refletem adaptações evolutivas (PINTO et al., 2002; MURTH et al., 2014).

Os metabólitos primários (aminoácidos, nucleotídeos, açúcares e lipídeos) exercem função ativa nos processos de fotossíntese, respiração, assimilação de nutrientes e estão presentes em todo o reino vegetal. Já os metabólitos secundários, apresentam distribuição restrita no reino vegetal, ou seja, são específicos em uma espécie ou a um grupo de espécies

relacionadas e estão intimamente associadas a estratégias de defesa das plantas (DILLARD e BRUCE GERMAN, 2000) (**Figura 4**).

Os metabólitos secundários despertam grande interesse, não só pelas atividades biológicas exercidas pelas plantas em resposta aos estímulos do meio ambiente, mas também pela atividade farmacológica que possuem. Muitos são de importância comercial não apenas na área farmacêutica, mas também nas áreas alimentar, agrônômica, perfumaria e outras (SIMÕES et al., 2007).

Os metabólitos secundários tem um papel importante na adaptação das plantas aos seus ambientes. Essas moléculas contribuem para que as mesmas possam ter uma boa interação com os diferentes ecossistemas (AERTS et al., 1991; HARBONE, 1999; SIMÕES et al., 2004; POMPILHO et al., 2013) e aumentam a probabilidade de sobrevivência de uma espécie, pois são responsáveis por diversas atividades biológicas com este fim. Por exemplo, podem atuar como antibióticos, antifúngicos e antivirais para proteger as plantas dos patógenos e, também, apresentando atividades antigerminativas ou tóxicas para outras plantas, as fitoalexinas.

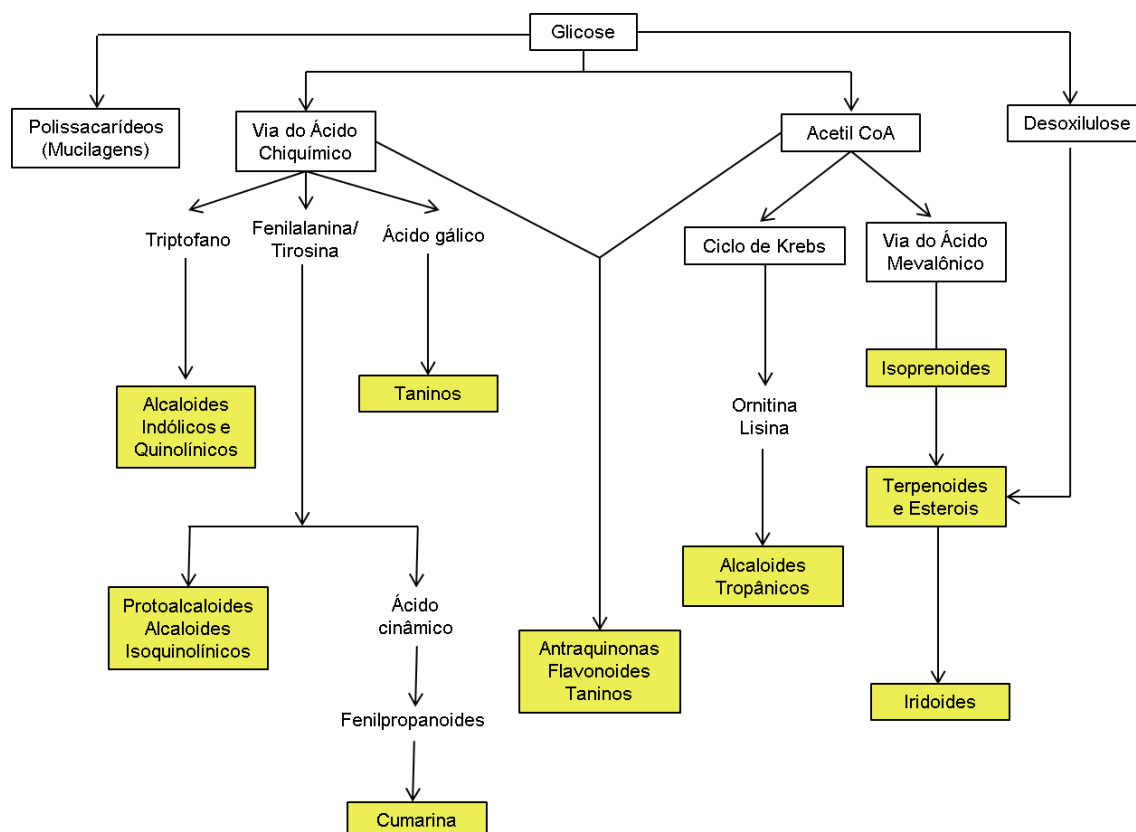


**Figura 4.** Esquema geral das vias de biossíntese do metabolismo vegetal secundário (retângulos rosas) e suas conexões com o metabolismo primário (retângulos vermelhos). Em detalhe os metabólitos primários (verde) e os secundários (azul). Fonte: Moreira, 2015.

Sua origem é o metabolismo da glicose, por meio da via de dois metabólitos principais: o ácido chiquímico e o acetato/mevalonato. O ácido chiquímico origina os aminoácidos aromáticos, precursores da maioria dos metabólitos secundários aromáticos. Há os metabólitos derivados da via do acetato/mevalonato, como os terpenoides, esteroides, ácidos graxos e os alcaloides que são formados a partir dos aminoácidos e também podem adicionar partes provenientes dos metabólitos originados da via do acetato/mevalonato e chiquimato (**Figura 5**).

Os metabólitos formados na via do acetato incluem fenóis, prostaglandinas, antibióticos macrolídeos e vários ácidos graxos e derivados da interface do metabolismo primário/secundário. A via do chiquimato leva a formação de uma variedade de fenóis, derivados do ácido cinâmico, lignanas e alcaloides. Já a via do mevalonato é responsável pela biossíntese de um vasto número de terpenoides e esteroides (DEWICK, 1997).

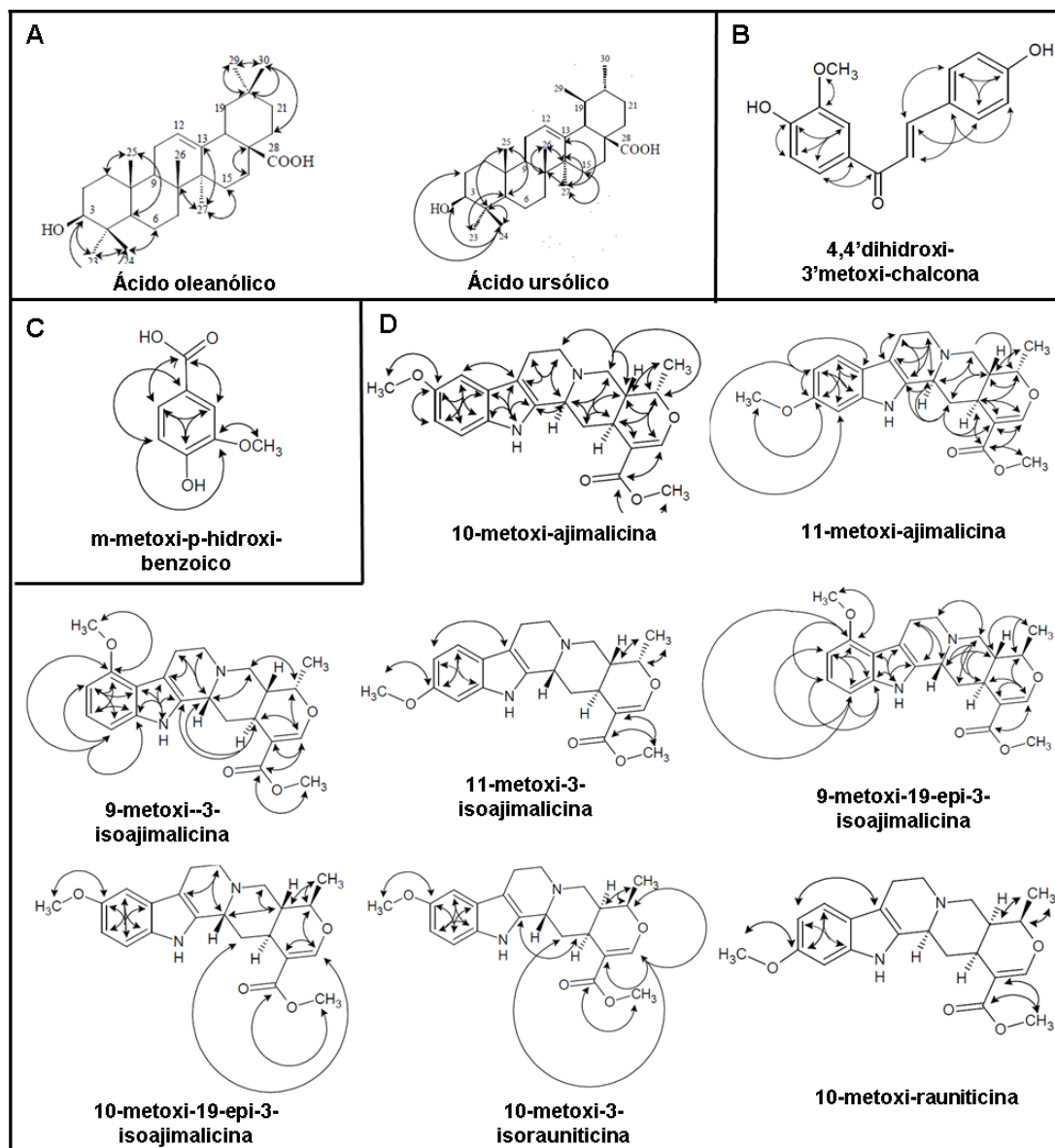
A natureza, de forma geral, tem produzido a maioria das substâncias orgânicas conhecidas. Dentre os diversos reinos da natureza, o reino vegetal é o que tem contribuído de forma mais significativa para o fornecimento de metabólitos secundários, muitos destes de grande valor agregado devido às suas aplicações como medicamento, cosméticos, alimentos e agroquímicos. Muitas dessas substâncias constituem-se, sobretudo, em modelos para o desenvolvimento de medicamentos sintéticos modernos, tais como procaína, cloroquina, tropicamida, ou de fármacos imprescindíveis como, vimblastina (Velban®), vincristina (Oncovin®), podofilotoxina e os análogos etoposídeo (VP-16-213; Vepeside®) e teniposídeo (VM-26; Vumon®), taxol (Paclitaxel; Taxol®) e, também, a camptotecina e derivados (PINTO et al, 2002).



**Figura 5.** Biossíntese dos metabólitos primário e secundário. Em destaque, os metabólitos secundários originados a partir da via do ácido chiquímico, do acetil-CoA e desoxilulose. Fonte: Simões et al. (2007).

Gadza (2004) afirma que a família Rubiaceae possui uma diversidade de metabólitos secundários como iridoídeos, alcaloides indólicos, antraquinonas e flavonoides além de derivados fenólicos e terpenoides. Algumas substâncias foram isoladas em *D. macrophylla*, como é mostrado na **Figura 6**.





**Figura 6.** Substâncias isoladas de *D. macrophylla*. A) Triterpenos; B) Chalcona; C) Ácido fenólico; D) Alcaloides. Fonte: Martins, 2014.

Segundo Both (2005), 37 gêneros de Rubiaceae sintetizam alcaloides, e destas 22 produzem alcaloides indol-monoterpênicos. Vários autores identificaram classes de metabólitos secundários em espécies de Rubiaceae como Alves et al. (2004) com taninos, flavonoides, triterpenos e saponinas em *Rudgea viburnoides* (Cham.) Benth.; Gadza (2004) com antraquinonas, iridoides e alcaloides indólicos em *Chiococca alba*; Cardoso et al. (2008) com alcaloides indol-monoterpenos em *Chimarris turbinata* DC., Serafim-Pinto et al. (2008) com substâncias fenólicas em *Richardia brasiliensis*, Bernhard et al.

(2011) com alcaloides em *Carrapichea affinis*. Em *D. macrophylla*, Martins (2014) isolou e identificou, nos extratos de folhas e galhos, quatro substâncias, sendo dois triterpenos, uma chalcona e um ácido fenólico. Mendonça et al. (2015) encontrou, no extrato bruto do caule de *Psychotria colorata*, a presença de fenóis, flavononas, leucoantocianinas, catequinas, flavononas e alcaloides. No extrato bruto de folhas para mesma espécie revelou a presença de taninos, flavonas, flavonoides, xantonas, chalconas, flavonóis, leucoantocianinas, catequinas, flavononas e alcaloides.

Estudos estabeleceram que, nos países ocidentais, onde a química sintética é a base da indústria farmacêutica, 25 % das moléculas alvo foram originalmente isoladas de plantas (BARREIRO, 1991; VIEGAS JUNIOR et al., 2007). Diversos fármacos são originados de diferentes classes químicas e categorias terapêuticas, como por exemplo, os alcaloides.

Sua classificação é principalmente com base na estrutura química, composição, solubilidade em vários solventes ou caminho pelo qual são sintetizados. A classificação principal inclui três grandes grupos: alcaloides, substâncias fenólicas e terpenoides.

### 3.3.1 Alcaloides

Os verdadeiros progressos na farmacologia tiveram início no século passado, com sucessivas contribuições de remédios de plantas. Esse avanço foi precedido pelo trabalho do sueco Carl Sheele, que conseguiu isolar os ácidos orgânicos de plantas e o jovem químico Friedrich Wilhelm Sertürner com suas ousadas experiências em 1816 que descobriu o princípio ativo mais importante, o ópio de papoula, cujos cristais levaram no “principium somniferum” (que Gay-Lussac mais tarde chamou de morfina devido ao deus grego Morpheu) que Osler chamou “A medicina de Deus”. Esta descoberta revolucionou a luta contra a dor assim como outras substâncias orgânicas de plantas.

O termo “alcaloide” foi dado em 1818 por Wilhelm Meissner e substâncias de origem vegetal foram aplicados com propriedades alcalinas e

lembra a reação dos minerais com caráter básico (ACOSTA, 2008). A diversidade estrutural e variedade na atividade biológica dos alcaloides fazem deste grupo uma das mais importantes substâncias naturais de interesse terapêutico.

Alcaloides são substâncias orgânicas de origem natural, cíclica, contendo um nitrogênio em estado de oxidação negativa (PELLETIER, 1988) tendo sua distribuição limitada entre os organismos vivos (HENRIQUES et al., 2010). Podem ocorrer nas diversas partes vegetais acumulando-se preferencialmente nos tecidos de crescimento ativo, células epidérmicas e hipodérmicas, bainhas vasculares e vasos lactíferos, sendo sintetizados no retículo endoplasmático e acumulados nos vacúolos.

Constituem uma grande família com mais de 15.000 metabólitos secundários nitrogenados e são encontrados em, aproximadamente, 20 % das espécies de plantas vasculares. Essas substâncias podem ser encontradas em diferentes partes do vegetal (SOTTOMAYOR et al., 2004), e em representantes de diversas famílias (LORENCE e NESSLER, 2004). Os alcaloides são famosos pela acentuada ação sobre o sistema nervoso central, sendo muitos deles utilizados como venenos ou alucinógenos (LUCA e PIERRE, 2000).

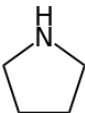
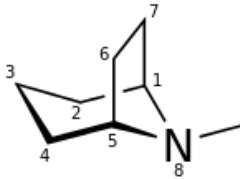
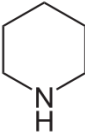
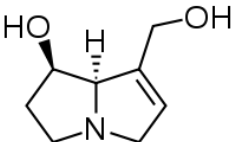
Segundo Hartmann (1992), a função dos alcaloides nos vegetais tem sido objeto de estudo por décadas, pois havia a hipótese que os alcaloides eram substâncias com a função de excreção e armazenagem de nitrogênio e de regular o crescimento, mas há poucas evidências que sustentem qualquer uma dessas funções. Para Croteau et al. (2000), algumas respostas estão surgindo amparadas nas funções eco-químicas destas substâncias. O papel dos alcaloides nas defesas químicas das plantas é sustentado pela grande variedade de efeitos fisiológicos que estes exercem sobre os animais e também por suas atividades antimicrobianas. Vários alcaloides são tóxicos aos insetos e atuam como repelente para herbívoros.

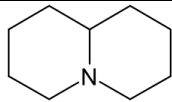
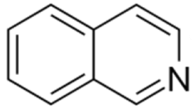
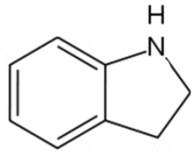
Estas substâncias do metabolismo secundário originaram diversos fármacos e a quantidade de produtos descritos, densidade estrutural e

variadas atividades farmacológicas fazem destas substâncias nitrogenadas, juntamente com os antibióticos, um dos grupos mais importantes entre as substâncias naturais com interesse terapêutico (CORDELL et al., 2001). A seguir, são mostrados no **Quadro 1** os principais alcaloides.

No trabalho de Zanca (2015), com o estudo sobre a análise fitoquímica sazonal de *D. macrophylla*, os resultados apresentaram indícios da presença de alcaloides e terpenos em todos os meses, no período de um ano corroborando com os estudos de Martins (2014) que, também, estudando a mesma espécie, encontrou, além das substâncias citadas, uma chalcona e um ácido fenólico.

**Quadro 1.** Principais tipos de alcaloides, seus precursores, exemplos e usos.

Classe de alcaloide	Estrutura	Precursor biossintético	Exemplos	Usos em humanos
Pirrolidínico		Ornitina (aspartato)	Nicotina	Estimulante, sedativo e tranquilizante
Tropânico		Ornitina	Atropina  Cocaína	Prevenção contra espasmos intestinais, antídoto contra outros venenos, dilatação de pupilas para exames oftalmológicos  Estimulante do sistema nervoso central, anestésico local
Piperidínico		Lisina (ou acetato)	Coniina	Veneno (paralisa os neurônios motores)
Pirrolizidínico		Ornitina	Retrorsina	Nenhum

Quinolizídínico		Lisina	Lupinina	Restabelecimento do ritmo cardíaco
Isoquinolínico		Tirosina	Codeína Morfina	Analgésico (alívio de dores, antitussígeno) Analgésico
Indólico		Triptofano	Psilocibina Reserpina Estricnina	Alucinógeno Tratamento de hipertensão. Tratamento de psicoses Veneno para ratos, tratamento para distúrbios oculares

Fonte: Taiz e Zeiger (2013)

Nos estudos de Zanca (2015), a análise de componentes principais demonstrou variação sazonal na composição química dos extratos hexânicos de folhas de *D. macrophylla*, principalmente alcaloides, onde a produção aumentou de acordo com a intensidade de chuvas, inferindo que a planta está redirecionando a sua rota biossintética para a produção de alcaloides menos polares ou ainda outros metabólitos, principalmente durante o mês de novembro, período em que ocorre a floração da espécie.

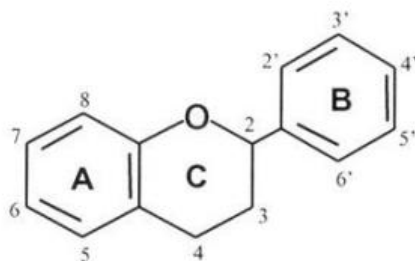
As concentrações de alcaloides em plantas podem variar significativamente para uma mesma espécie, dependendo da região onde esta esteja localizada, devido a fatores como clima, solo, relevo e obviamente predadores naturais (GREENE, 2013).

### 3.3.2 Substâncias fenólicas

A estrutura dos flavonoides (**Figura 7**) está baseada no núcleo *flavilium*, o qual consiste de três anéis fenólicos. O benzeno do primeiro anel é condensado com o sexto carbono do terceiro anel, que na posição 2 carrega um grupo fenila como substituinte. O terceiro anel pode ser um pirano

heterocíclico, gerando as estruturas básicas das leucoantocianinas (ou pró-antocianinas ou catequinas) e as antocianidinas, denominado de núcleo flavana.

Devido ao fato do terceiro anel apresentar-se como uma pirona, ocorre a formação das flavonas, flavonóis, flavanonas, isoflavonas, chalconas e auronas, recebendo a denominação de núcleo 4-oxo-flavonoide (AHERNE e O'BRIEN, 2002). Variações no anel heterocíclico C originam as diversas classes de flavonoides, como flavonóis, flavonas, catequinas, flavanonas, antocianidinas e isoflavonoides.



**Figura 7.** Representação esquemática da estrutura de um flavonoide. O anel A é derivado do acetato/mevalonato, o B é derivado da fenilalanina e variações do anel C resultam nas diferentes classes. Fonte: Santos-Buelga e Williamson, 2003.

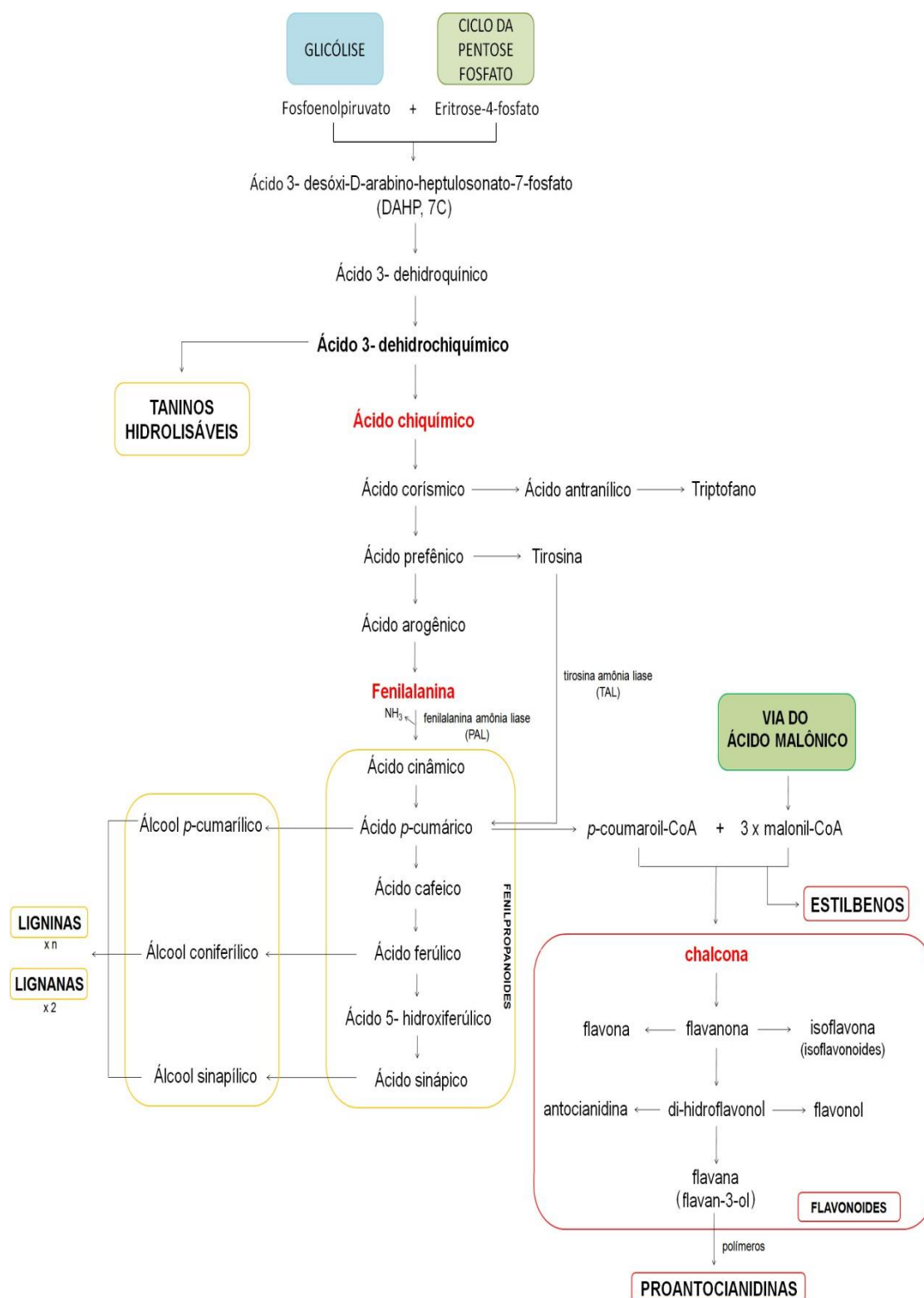
Além disso, a estrutura básica dos flavonoides origina vários padrões de substituição nos anéis benzênicos A e B dentro das classes dos flavonoides: hidroxilas fenólicas, açúcares, grupos metóxi, sulfatos e glucoronídeos (HOLLMAN e KATAN, 1999).

As substâncias fenólicas fazem parte de um dos aiores grupos de metabólitos secundários. Entre eles, estão os flavonoides que são pigmentos solúveis em água encontrados em vacúolos de células de plantas e principalmente classificados em seis subgrupos principais: chalconas, flavonas, flavonóis, flavandióis, antocianinas e proantocianidinas ou taninos condensados (PETRUSSA et al., 2013).

O ácido chiquímico é o precursor do composto inicial da síntese dos flavonoides. Este aminoácido aromático depois de desaminado pela

fenilalanina amônia líase (PAL) produz ácido cinâmico. Este, por ação da 4-hidroxilase cinamato, é convertido em ácido p-cumárico. Estas duas enzimas estão associadas: o ácido cinâmico não é libertado pela PAL, mas sim transferido diretamente para o centro ativo da segunda enzima. Posteriormente, ocorre a adição da CoA, catalisada pelo p-cumarato/CoA liase, originando a p-cumaroil-CoA, que ao reagir com três moléculas de malonil-CoA forma a naringenina chalcona. Esta reação é catalizada pela chalcona sintetase. Finalmente, ocorre a ciclização do anel, catalizada pela chalcona isomerase, para dar origem à naringenina. Desta forma, nos flavanóides, o anel A é formado via acetato, enquanto o anel B resulta da via do chiquimato e os três átomos de carbono que ligam o anel A ao anel B derivam do fosfoenolpiruvato (SAITO et al., 2013) (**Figura 8**).

Tornaram-se importantes e populares devido aos seus benefícios para a saúde e envolvimento em diversos processos como (i) proteção contra insetos e micróbios (KLIEBENSTEIN, 2004; BIDART-BOUZAT e KLIEBENSTEIN, 2008); (ii) ação como protetores solares para absorver radiação UV e luz forte, assim substituindo aminoácidos semelhantes à mycosporina geralmente detectados em algas (GUO et al., 2008; AGATI et al., 2013); (iii) atração de insetos polinizadores pela produção de antocianinas coloridas, absorvendo diferentes espectros de luz visível (WINKEL-SHIRLEY, 2001); (iv) ação como antioxidantes, inibindo a geração de espécies reativas de oxigênio (ROS), mantendo sua concentração dentro de uma faixa sub-letal (BLOKHINA et al., 2003; AGATI et al., 2012, 2013; STOLARZEWICZ et al., 2013); (v) envolvimento na germinação do pólen (TANAKA e OHMIYA, 2008; TANAKA et al., 2008; FERREYRA et al., 2012); (vi) envolvimento na comunicação biológica na rizosfera (CESCO et al., 2012; WESTON E MATHESIUS, 2013) e ação como (vii) reguladores de desenvolvimento, envolvidos no transporte de auxina e catabolismo (FRIML e JONES, 2010).



**Figura 8.** Esquema da biossíntese dos compostos fenólicos. A eritrose 4-fosfato e o fosfoenolpiruvato são intermediários glicolíticos que se unem e sofrem reações que levam a formação do ácido 3-deidrochiquímico produzindo o ácido chiquímico que após diversas reações sintetiza os aminoácidos aromáticos (fenilalanina, tirosina e triptofano). Os flavonoides são provenientes de duas vias: a via do ácido chiquímico e a via do acetato-malonato.



Os flavonoides possuem múltiplos efeitos biológicos, como atividade antioxidante, antiinflamatória e antitumoral, ação na redução da fragilidade e permeabilidade capilares; inibição da destruição do colágeno à agregação plaquetária. Assim, a ingestão de flavonóides está associada à longevidade e à redução na incidência de doenças cardiovasculares (FILHO et al., 2001; ARAÚJO, 2008).

### **3.3.3 Terpenos**

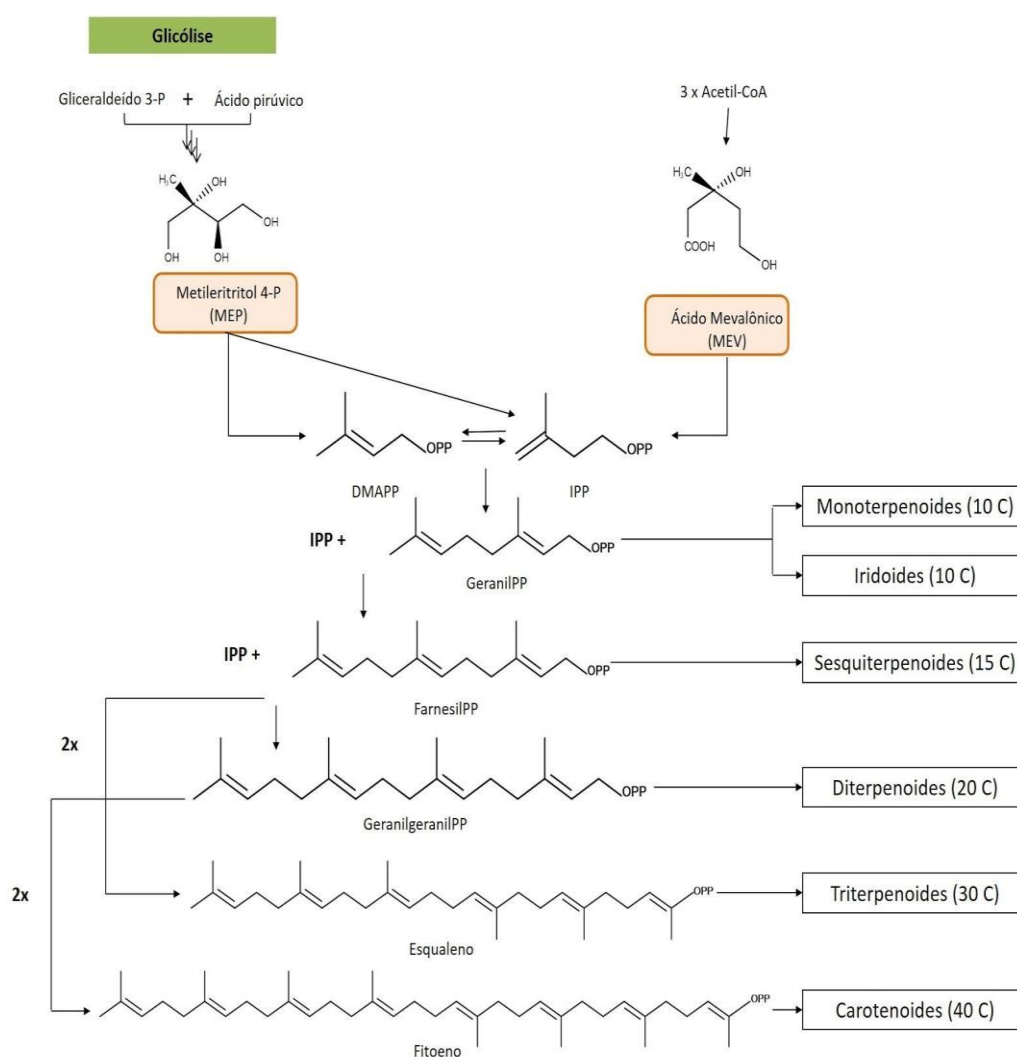
Os terpenoides, com cerca de 64.000 substâncias conhecidas, são considerados os maiores e a mais diversificada classe de produtos naturais. São metabólitos secundários produzidos, principalmente, por plantas e por algumas bactérias e leveduras. Eles possuem várias estruturas químicas em uma variedade usual de hidrocarbonetos lineares ou esqueletos carbocíclicos quirais com diferentes modificações químicas, tais como hidroxila, cetona, aldeído e grupos de peróxido. Diferentes moléculas terpenoidais apresentaram propriedades antimicrobianas, antifúngicas, antivirais, antiparasitárias, anti-hiperglicêmicas, antialergênicas, anti-inflamatórias, antiespasmódicas, imunomoduladoras e quimioterapêuticas (WINKEL-SHIRLEY, 2001).

Eles também podem ser usados como inseticidas naturais e substâncias protetoras para o armazenamento de produtos agrícolas. Esta variedade diversa de estruturas dos terpenoides e funções incitou grande interesse em seu uso medicinal e aplicações comerciais como saborizantes, fragrâncias e especiarias. Entre os terpenoides com aplicações médicas estabelecidas estão a artemisinina (antipalúdica) e o taxol (anticancerígeno) (WANG et al., 2005; AJIKUMAR et al., 2008; THOPPIL e BISHAYEE, 2011; GUAN et al., 2015).

No mercado medicinal e comercial, os terpenoides serão sempre substâncias valiosas de grande interesse. As vias biossintéticas envolvidas na produção de terpenoides estão completamente descritas (DEWICK, 1997), no entanto, mais informações sobre o mecanismo catalítico das enzimas

envolvidas nestas vias, especialmente a terpeno sintase, são de grande importância.

Os terpenoides geralmente são classificados de acordo com o número e a organização estrutural das cinco unidades de isopreno de carbono envolvidas na sua síntese como hemiterpenoides, monoterpenoides, sesquiterpenoides, diterpenoides, sesterterpenoides, triterpenoides, tetraterpenoides e politerpenoides (**Figura 9**).



**Figura 9.** Representação esquemática das duas rotas metabólicas referente à síntese de terpenos/terpenoides: via do metileritritol 4-fosfato e a via do mevalonato. A derivação na estrutura química em unidades de cinco carbonos, comum aos terpenos, é resultado da sua origem bioquímica, já que todos os seus carbonos são provenientes do isopentenil pirofosfato (IPP) ou de seu isômero dimetilalil pirofosfato (DMAPP). Fonte: Peña (2016).

### 3.4 Proteômica

A proteômica é um novo campo de estudo que se propõe a analisar, de forma global, o conjunto de proteínas expressas numa célula ou tecido, isto é, o proteoma. Devido à natureza dinâmica do proteoma (que se altera com diferentes condições e estímulos) seu estudo representa uma forma de investigar os processos metabólicos em sistemas vivos para melhor entender o funcionamento de uma célula ou tecido em nível molecular (SILVA et al., 2007).

Atualmente, consiste na análise simultânea de misturas complexas de proteínas provenientes de lisados celulares e extratos de tecidos com o intuito de detectar diferenças quantitativas e qualitativas na expressão proteica. Seu objetivo se diversifica para a análise de vários aspectos funcionais das proteínas como modificações pós-traducionais, interações proteína-proteína, atividades e estruturas (WESTERMEIER, 2001). Existem dois tipos de análises proteômicas, a estrutural e a comparativa. A primeira se dá pela caracterização do proteoma total de um determinado organismo, tecido, organela ou estrutura celular com a identificação do maior número possível de proteínas. A proteômica comparativa visa a identificação de proteínas diferencialmente expressas diante de condições ou estímulos específicos (WILKINS et al., 2001).

Os dados gerados por análise proteômica permitem alcançar diferentes objetivos como: a) esclarecer as proteínas envolvidas em rotas metabólicas relacionadas aos diferentes processos celulares; b) identificar novos alvos farmacológicos e marcadores biológicos relacionados ao processo de estabelecimento e progressão de doenças; c) identificar as moléculas bioativas a partir de extratos biológicos naturais, levando ao desenvolvimento de novos fármacos e; d) caracterizar as respostas celulares a determinadas drogas, doenças e mudanças ambientais (SILVA et al., 2007).

A análise proteômica em plantas foi iniciada com o milho (*Zea mays*) (TOUZET et al., 1996) e *Arabidopsis thaliana* (SAHNOUN et al., 2000) e a primeira revisão em proteômica vegetal foi publicada somente no fim do século passado (THIELLEMENTE et al., 1999). A maioria destes estudos se

baseia na comparação dos níveis de expressão sem a real identificação das proteínas e tinha como objetivo a identificação de marcadores para diferentes situações (AGRAWAL et al., 2005). Além dessas plantas, estudos têm sido realizados em outras espécies de dicotiledôneas tais como feijão, uva, ervilha, batata, tabaco, tomate, soja, etc. Estes estudos têm fornecido um grande número de aplicações de novos métodos de preparação da amostra em diferentes condições de crescimento (AGRAWAL et al., 2005; DURESSA et al., 2010).

Uma vez que as substâncias são identificadas, correlações entre metabólitos e respostas, agrupamento e todos os dados experimentais podem ser utilizados em qualquer tempo, permitindo a construção de uma hipótese ou explicar as observações feitas (EBBELS e CAVILL, 2009).

### **3.4.1 Extração de proteínas totais de tecidos vegetais**

O proteoma tem como meta, monitorar todas as proteínas celulares e, para tanto, há na literatura vários procedimentos descritos para se realizar de forma quantitativa a extração de proteínas totais com o objetivo de separá-las e identificá-las (GODOVAC-ZIMMERMANN e BROWN, 2001). Os três passos fundamentais no preparo de amostras de proteínas são o rompimento celular, inativação ou remoção dos interferentes e solubilização das proteínas (GÖRG et al., 2004).

A maior dificuldade em realizar uma análise proteica em tecidos vegetais é dada pelo baixo teor de proteínas e pela alta concentração de substâncias interferentes, como polifenóis e pectinas. Assim, especial atenção deve ser dada às etapas de extração das proteínas do material bruto e do preparo da amostra a ser analisada (SILVA et al., 2013).

### **3.4.2 Eletroforese bidimensional**

A eletroforese bidimensional tem sido, e continua sendo para muitas espécies de plantas, uma das técnicas mais utilizadas para a separação de

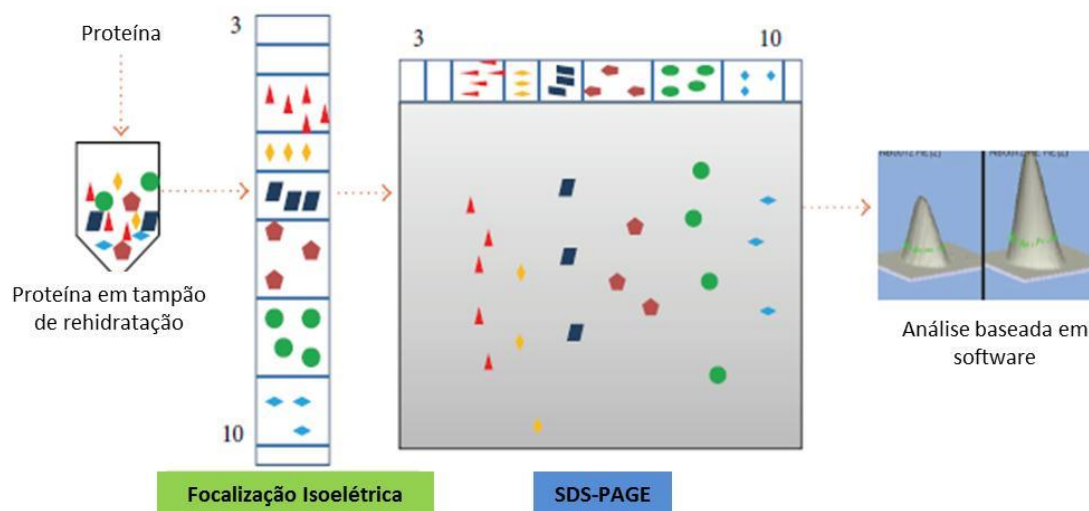
proteínas em experimentos de proteômica (VALLEDOR e JORRIN, 2011). A principal vantagem é sua alta resolução em separações analíticas de misturas complexas de proteínas (ZARKADAS et al., 2007) de acordo com o ponto isoelétrico, massa molecular, solubilidade e abundância relativa (GÖRG et al., 2004). A técnica se diferencia da eletroforese unidimensional por ter a etapa extra de separação pelo ponto isoelétrico e, desta maneira, forma um mapa proteico muito mais detalhado e informativo, estabelecendo na prática uma identidade para cada espécie analisada.

Na eletroforese bidimensional usual, as proteínas são separadas em duas etapas consecutivas. Na primeira, denominada focalização isoelétrica (IEF), as moléculas migram em gel de poliacrilamida com gradiente de pH imobilizado ou gerado por tampões anfotericos até atingirem um pH no qual sua carga é igual a zero (ponto isoelétrico ou pI). Na segunda etapa, as proteínas são submetidas a uma eletroforese com direção perpendicular a IEF em gel de poliacrilamida contendo dodecil sulfato de sódio (SDS-PAGE), e então separadas de acordo com sua massa molecular (**Figura 10**). Essa segunda etapa é similar a uma eletroforese 1-D, na qual as moléculas são diretamente aplicadas no gel SDS-PAGE e separadas de acordo com seu tamanho (BARBOSA et al., 2012).

Para intensificar a alta resolução da eletroforese 2D, a extração das proteínas pode ser realizada com ácido tricloroacético e acetona que são úteis para minimizar a degradação proteica devido à presença de proteases e também ajudam na remoção de substâncias interferentes como lipídios, pigmentos, polifenóis, entre outros (ZARKADAS et al., 2007; GÖRG et al., 2004).

Quanto à análise de imagens de géis bidimensionais, esta é crucial ao fluxo de trabalho em proteômica e tem impacto direto sobre a obtenção de dados qualitativos e quantitativos. Como a análise é um processo complexo e gera grandes quantidades de dados, é necessária a utilização de um *software* (STESSL et al., 2009). Com a análise das imagens, é possível obter os resultados relativos à comparação entre os géis. Esta etapa consiste em um

trabalho minucioso do manipulador para a detecção de alterações inerentes à técnica, diferenças na coloração, concentração relativa de cada *spot*, etc.



**Figura 10.** Esquema de gel de eletroforese bidimensional (2-DE). Na primeira dimensão, as proteínas são separadas de acordo com os seus pontos isoelétricos ( $pI$ ) e são ainda resolvidas de acordo com a sua massa molecular na segunda dimensão. Finalmente, *spots* de proteínas de interesse são excisados e sujeitos à digestão trípica seguido por MS. Fonte: PAUL et al. (2013).

A limitação da eletroforese 2D é o número de replicatas que é necessário realizar para conseguir uma boa reprodutibilidade, pois a técnica apresenta muitos interferentes como a própria manipulação e a variabilidade intrínseca das amostras biológicas (ERAVCI et al., 2007). Outras dificuldades citadas da técnica são as proteínas com extremos de MM e  $pI$  ou em baixas concentrações (YE et al., 2013).

### 3.4.3 Espectrometria de massas (EM)

Habilidades genômicas avançadas têm sido recursos para determinação rápida e abrangente e montagem de vários genomas de plantas. Juntamente com a maior capacidade de identificar o número de loci gênicos em plantas, o desejo concomitante de elucidar a função desses

genes levou ao desenvolvimento dos campos de transcriptômica, proteômica e metabolômica (CLAROS et al. 2012; KORTE e LEE, 2014). E a espectrometria de massas vem ganhando popularidade ao longo da última década e, entre vários propósitos, a investigação de biologia vegetal, incluindo mecanismos de respostas de plantas a estresses abióticos e bióticos incluindo mecanismos de defesa de plantas é uma delas.

A espectrometria de massas é uma ferramenta analítica capaz de identificar as composições, qualitativa e quantitativamente, de misturas complexas (incluindo a distribuição isotópica de seus elementos), assim como permite analisar modificações pós-traducionais como metilação, glicosilação, acetilação e fosforilação, determinando, também, a sequência de peptídeos, visando a identificação das proteínas que constituem a amostra (MORAES et al., 2013), tornando-se, assim, uma tecnologia crucial para o campo da proteômica (LAURENCE e DEVREESE, 2013; ZUBAREV e MAKAROV, 2013).

Esta ferramenta tem se tornado o método de escolha para todas as abordagens proteômicas disponíveis até aos dias atuais e é constituído por uma fonte de íons que converte analitos em moléculas ionizadas e um analisador de massas que resolve íons de acordo com a relação  $m/z$ , e um detector que regista o número de íons no respectivo valor  $m/z$ . O analisador de massa depende de três parâmetros fundamentais: sensibilidade, resolução e precisão em massa, que em espectrômetros de massas avançados permitem a detecção dos níveis de femtogramas de proteínas individuais em misturas complexas (PAUL et al., 2013). A introdução das técnicas de ESI e MALDI-MS com diferentes tipos de analisadores de massas fornecem uma grande variedade de espectrômetros de massa especializados.

O desenvolvimento da ionização por dessorção a laser assistida por matriz (MALDI) e ionização por eletrospray (ESI) revolucionaram a espectrometria de massas biológica, e especialmente a proteômica baseada em EM. Os cinco tipos de analisadores de massa mais comumente usados que foram desenvolvidos são o quadrupolo (Q), tempo-de-voo (TOF), armadilha de íons, ressonância de ciclotron de íons por transformada de

Fourier (FT-ICR) e *orbitrap*. Eles podem ser usados sozinhos ou em conjunto para tirar proveito de seus benefícios individuais (THELEN e MIERNYK, 2012). O quadropolo é usado, principalmente, em um espectrômetro de massas como um guia de íons para focar íons em um *ion trap* (Q-TRAP) ou refletor TOF (Q-TOF). O analisador de massa TOF é amplamente utilizado na análise MALDI-TOF/MS para a proteômica de plantas e a armadilha de íons para realizar múltiplos ciclos de fragmentação. A transformada de Fourier é, atualmente, dominada pelo analisador de massa *orbitrap*, que provou ser um analisador de massa robusta que pode fornecer alta potência de resolução e precisão (PACHL et al., 2013).

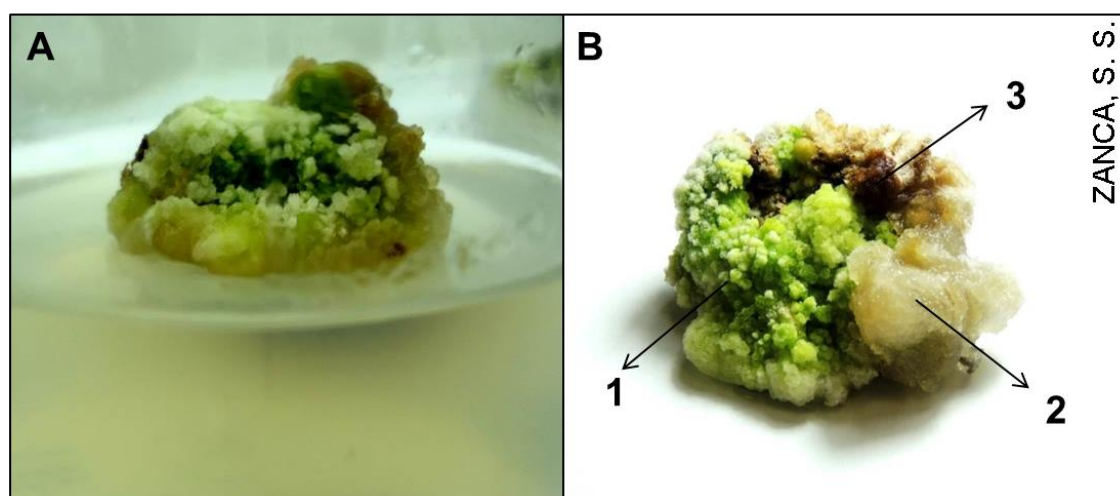


## 4 MATERIAL E MÉTODOS

### 4.1 Material vegetal

#### 4.1.1 Calos

Os calos utilizados neste trabalho (**Figura 11**) foram produzidos pela MSc. Sabrina Schumacker Zanca no Laboratório de Cultura de Tecidos Vegetais, do Laboratório de Bioprospecção e Biotecnologia, Coordenação de Tecnologia e Inovação, do INPA.



**Figura 11.** Calo de *D. macrophylla*. (A) Em meio de cultura MS; (B) Após dois meses *in vitro*: 1 – calo clorofilado; 2 – calo friável; 3 – calo compactado

Os explantes utilizados para o processo de cultura de tecidos *in vitro* foram obtidos a partir de folhas de *Duroia macrophylla* em seu habitat natural (Reserva Florestal A. Ducke, localizada a 26 km NE de Manaus, na rodovia AM-010, Amazonas coordenadas 50°55'22" O e 2°57'48" S). A coleta foi realizada mensalmente entre o período de abril de 2013 a março de 2014. Estes explantes foram excisados das áreas centrais das folhas, com o auxílio de tesoura e bisturi, apresentando nervuras centrais ou secundárias com corte de aproximadamente 1 x 0,5 cm.

A pré-desinfestação dos explantes foi realizada utilizando etanol 70 %, água destilada, solução biocida contendo fungicida (2 g.L<sup>-1</sup> de Mancozeb®) e

antibiótico (100 mg.L<sup>-1</sup> de estreptomicina). Na câmara de fluxo laminar, os explantes foram submetidos à desinfestação com a combinação entre os agentes desinfestantes etanol 70 %, hipoclorito de sódio a 2 % e hipoclorito de cálcio a 4 %. A inoculação procedeu-se em meio de cultura Murashige e Skoog (MS) (1962) acrescentado de 30 g.L<sup>-1</sup> de sacarose, 7 g.L<sup>-1</sup> de ágar, 4 mg.L<sup>-1</sup> de 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D) e 2 mg.L<sup>-1</sup> de cinetina (CIN).

#### **4.1.2 Folhas e Galhos**

As folhas e galhos foram coletados em abril de 2015 na Reserva Particular de Patrimônio Natural – RPPN, a Cachoeira da Onça, localizada no município de Presidente Figueiredo, Amazonas, nas coordenadas 2°2'5.40"S e 60°1'33.15"O. Imediatamente após a coleta as amostras, foram acondicionadas em caixa com gelo seco e armazenadas a -80 °C até o momento do uso.

#### **4.2 Obtenção do extrato proteico**

A extração de proteínas totais de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* e demais etapas experimentais foram realizadas no Laboratório de Proteoma da Universidade Federal do Amazonas em Manaus-AM.

Inicialmente 1 g do tecido foi macerado na presença de nitrogênio líquido e PVPP (0,05 g), utilizando almofariz e pistilo, até obtenção do pó. O protocolo utilizado foi o mesmo para as três condições: SDS-Fenol (SOUZA et al., 2014), descrito abaixo.

#### **Método SDS-Fenol (SOUZA et al., 2014)**

Esse método divide-se em duas etapas: limpeza da amostra, a fim de neutralizar e remover interferentes potencialmente oxidativos e a extração propriamente dita. Para a limpeza da amostra foi adicionado ao pó 10 mL de solução I (10 % TCA, 2 % β-mercatoetanol em acetona gelada). A mistura foi

homogeneizada com auxílio de disruptor ultrassônico *Fisher 100 Sonic Dismembrator* em banho de gelo (três pulsos de vinte segundos a intervalos de um minuto cada). A precipitação de proteínas foi obtida incubando a amostra a -20 °C por aproximadamente 40 min seguido de centrifugação durante 30 min, 4.000 rpm a 4 °C. O sobrenadante foi descartado e o *pellet* lavado em 10 mL de acetona gelada, para novamente ser centrifugado, durante 10 min, 4.000 rpm a 4 °C. A etapa de lavagem foi realizada por duas vezes, o *pellet* foi seco à temperatura ambiente por 30 a 40 min, e procedeu-se à extração de proteínas.

Para a extração de proteínas, o *pellet* foi aliquoteado em microtubos de 1,5 mL, (na marca de 0,2 mL) seguido de adição de 600 µL de solução II (30 % sacarose; 2 % SDS; 0,1 M Tris-HCl pH, 7,5; 2 % β-mercaptoetanol). A mistura foi homogeneizada em vortex durante 30 s e deixada à temperatura ambiente por 15 min, agitando-se em vórtex algumas vezes. Posteriormente, foram adicionados 600 µL de fenol hidratado e equilibrado (pH 7,5) e agitaram-se as amostras em vórtex durante 20 s para que ocorresse a solubilização das proteínas no fenol. Após 5 min à temperatura ambiente, as amostras foram centrifugadas por 5 min a 10.000 rpm a 4 °C para separação de fases. A fase fenólica foi então recuperada e a ela foram adicionados três volumes de 0,1 M de acetato de amônio em metanol. A precipitação ocorreu por 1 h a -20 °C. As proteínas precipitadas foram recuperadas por centrifugação, 10 min a 10.000 rpm a 4 °C, e lavadas com dois volumes de metanol gelado por três vezes. O *pellet* foi seco à temperatura ambiente por aproximadamente 15 min, cuidando para não ficar muito seco, e estocado a -20 °C até o momento de uso.

A quantificação de proteínas totais foi feita pelo método colorimétrico, utilizando-se o *kit* comercial para dosagem de proteínas BCA (BioAgency) – método Lowry modificado, segundo recomendações do fabricante. Essa técnica consiste na mudança de coloração do reagente quando proteínas estão presentes no meio, uma vez que as proteínas reduzem o cátion de cobre ( $\text{Cu}^{2+} \rightarrow \text{Cu}^{1+}$ ), e este, quando reduzido, complexa-se ao BCA (ácido bicinconínico), resultando numa coloração púrpura formada pela interação de duas moléculas do reagente BCA com um íon de cobre ( $\text{Cu}^{1+}$ ).

Para a dosagem de proteínas, uma alíquota foi ressuspensa em 500 µL de ureia 3 M. Após, 50 µL dessa amostra foi misturada em 1 mL do reagente colorimérico, preparados de acordo com as instruções do fabricante, e incubadas a 37°C durante 30 min. Em seguida a reação foi monitorada em espectrofotômetro da marca *Thermo Electro Corporation*, modelo Biomater 3, na faixa de absorvância de 562 nm. A massa de proteínas foi estimada utilizando a curva padrão obtida a partir de uma amostra de concentração conhecida de proteína BSA (*Bovine Serum Albumine*, Sigma) ( $y = 0,022x + 0,0209$ ;  $R^2 = 0,9956$ ).

### 4.3 SDS-PAGE

Para análise SDS-PAGE dos extratos obtidos, uma alíquota foi solubilizada em 200 µL de tampão desnaturante contendo Tris-HCl 0,2 M pH 6,8; 4% (v/v) SDS; 4% (v/v) β-mercaptoetanol; 20% (v/v) glicerol; 0,1 % (p/v) azul de bromofenol e incubados a 100 °C por 5 min. Após dosagem, 25 µg de proteínas totais foram analisadas por eletroforese em gel de poliacrilamida 12%, utilizando tampão Tris-Glicina 1x pH 8,3 (Tris 0,025 M; Glicina 0,192 M, SDS 0,1 %), sob uma tensão de 250V e corrente constante de 50 mA por gel no sistema Hoefer SE 600 Ruby (Amersham Bioscience). Para a visualização, o gel foi incubado por 30 min em solução fixadora (10% (v/v) de ácido acético; 40 % (v/v) de metanol), seguido de coloração com Azul de Comassie Coloidal (8% sulfato de amônio, 0,8% ácido fosfórico, 0,08% Comassie Blue G-250, 20% metanol) *overnight*, e descorado com água deionizada, por aproximadamente três dias.

Todas as bandas do gel das três condições foram analisadas. Estas foram separadas por faixas por condição considerando-se a quantidade e intensidade das bandas. O recorte foi realizado manualmente com auxílio de um bisturi utilizando um trans-iluminador de luz branca. As bandas foram colocadas em microtubos de 600 µL e estocados a -20 °C até o momento da digestão das amostras.

#### 4.4 Géis 2-DE

Para a isoeletrofocalização (IEF), foram utilizados 250 µg de proteínas, sendo esta dissolvida em 250 µL de tampão de rehidratação (*DeStreakRehydrationSolution*) e 1 % de anfólitos (*IPG Buffer pH 3-11*), ambos da GE *Healthcare*. Essa mistura foi aplicada a uma *Immobiline DryStrip* de 13 cm (GE *Healthcare*, pH 3-11NL), reidratadas durante 10 h e submetidas a focalização isoeletrica durante 12 h em *EttanIPGphor II* (AmershamBioscience), a 20 °C com uma tensão limite de 50 mA/*strip*, de acordo com as condições descritas na **Tabela 1**.

**Tabela 1.** Condições da focalização isoeletrica com as etapas experimentais, voltagens e respectivos tempos utilizados.

<b>Etapas experimentais</b>	<b>Voltagem (V)</b>	<b>Tempo (h)</b>
1. <i>Step</i>	150	2
2. <i>Step</i>	300	2
3. <i>Gradient</i>	1.000	4
4. <i>Gradient</i>	8.000	2
5. <i>Step</i>	8.000	2

Após a focalização, as fitas com gel foram tratadas com solução de equilíbrio contendo ditiotreitol e iodoacetamida segundo Gorget al. (1998), reduzindo e alquilando, respectivamente as proteínas. Em seguida foram separadas por sua massa molecular, por aproximadamente três horas, em um sistema de SDS-PAGE, em gel de poliacrilamida de 12 %.

Os géis foram digitalizados e submetidos a uma análise de imagem usando o *software* Image Master 2D Platinun 7.0 (GE *Healthcare*, AmershamBiosciences AB, Uppsala, Sweden) e os três mapas mais reprodutíveis para cada condição foram selecionados para uma análise comparativa. Os *spots* foram detectados automaticamente pelo programa, utilizando como parâmetros *saliência* e *smooth* igual a 100 e 2, respectivamente, sendo que em seguida foram feitas correções manuais.

Para a escolha do gel referência de cada condição experimental, foram feitas comparações entre pelo menos três géis de cada condição, e estes apresentaram similaridade igual ou superior a 70 %, tomando-se como referência aquele que apresentasse maior número de *spots*. Os géis representativos de cada condição foram comparados entre si para verificar diferença de expressão de acordo com o tecido. *Spots* exclusivos e aqueles com taxa de expressão diferencial das três condições foram selecionados para análise por espectrometria de massas.

Os *spots* foram selecionados a partir da análise comparativa dos géis referência das três condições experimentais, considerando aqueles diferenciais entre si. Estes foram recortados manualmente com auxílio de um bisturi utilizando um trans-iluminador de luz branca. Os *spots* foram colocados em microtubos de 600 µL, sendo um *spot* por tubo, e estocados a -20 °C até o momento da digestão das amostras.

#### **4.5 Digestão das amostras**

A digestão das amostras (bandas de SDS-PAGE e *spots* de 2DE) consistiu de descoloração e remoção do SDS do gel com uma solução contendo 50 % de metanol e 2,5 % de ácido acético em água milliQ purificada, seguida da redução (10 mM de ditioneitol por 30 min em temperatura ambiente), alquilação (50 mM de iodoacetamida por 30 min em temperatura ambiente mantido no escuro), digestão com tripsina (Promega) e extração dos peptídeos (HANNA et al., 2000, modificado). Em seguida, foi aliquoteado 1 % de ácido fórmico, seguida da dessalinização, utilizando *stage tips*. Após digestão, o solvente das amostras foi evaporado em evaporador da marca *SpeedVac System* modelo SPD1010-115 *Refrigerated* Thermo Savant, e armazenadas a -20 °C até a realização das análises.

## 4.6 Espectrometria de massas

As análises foram realizadas no Laboratório Nacional de Biociências - LNBio, do Centro Nacional de Pesquisas em Energia e Materiais – CNPEM em Campinas – SP.

### 4.6.1 Amostras de SDS-PAGE

As amostras liofilizadas foram recuperadas com 50  $\mu\text{L}$  de ácido fórmico 0,1 % e aplicadas nos *vials*. Uma alíquota de 2  $\mu\text{L}$  foi analisada no espectrômetro de massas LTQ Orbitrap Velos (Thermo Fisher Scientific, Waltham, MA, USA) conectado ao sistema EASY-nLC (ProxeonBiosystem, West Palm Beach, FL, USA) através de uma fonte de íons *nanoelectrospray* Proxeon. Os peptídeos foram separados em um gradiente de 2-90 % de acetonitrila em 0,1 % de ácido fórmico usando uma coluna analítica Pico Frit Column (20 cm x ID75  $\mu\text{m}$ , tamanho da partícula de 5  $\mu\text{m}$ , New Objective) em um tempo de vôo de 300  $\text{nL}\cdot\text{min}^{-1}$  por 85 min.

A voltagem do *nanoelectrospray* foi definida para 2,2 kV e a temperatura da fonte de 275 °C. Todos os métodos do instrumento foram configurados no modo de aquisição dependente de dados. A varredura completa dos espectros de MS foram adquiridos no analisador Orbitrap após acumulação para um valor alvo de  $1 \times 10^6$ . A resolução no Orbitrap foi ajustada para  $r = 60,000$  e os 20 íons peptídicos mais intensos com estado de carga  $\geq 2$  foram sequencialmente isolados para um valor-alvo de 5.000 e fragmentados na armadilha de íons linear usando CID de baixa energia (energia de colisão normalizada de 35 %).

O limite de sinal para desencadear um evento MS/MS foi definido para 1.000 contagens. A exclusão dinâmica foi ativada com uma lista de tamanho de exclusão de 500, duração de exclusão de 60 s e uma contagem repetida de 1. Foram utilizados uma ativação  $q = 0,25$  e tempo de ativação de 10 ms.

### 4.6.2 Amostras de geis 2-DE (Spots)

As amostras liofilizadas foram recuperadas com 10  $\mu\text{L}$  de ácido fórmico 0,1 % e aplicadas nos *vials*, onde uma alíquota de 2,5  $\mu\text{L}$  da mistura de

peptídeos foi separada em uma coluna cromatográfica C18 (75 µm x 100 mm) RP-nanoUPLC (nanoAcquity, Waters) acoplado a um espectrômetro de massa modelo Q-ToF Ultima (Waters Micromass) com fonte de ionização nano-eletrospray a uma taxa de fluxo de 0,6 µL/min. O gradiente utilizado foi de 2-90 % de acetonitrila em 0,1 % de ácido fórmico concluído em 20 min. O instrumento foi operado no modo *top three*, onde um espectro de MS é adquirido seguido por MS/MS dos três primeiros picos mais intensos detectados.

#### 4.6.3 Das análises

Os espectros obtidos foram processados utilizando do *software* Mascot Distiller 2.2.1.0, 2008, Matrix Science (MassLynx V4.1) e comparados com o banco de dados de ESTs de *Green Plants* - Viridiplantae (Outubro/2017). Para as buscas, o *software* foi programado com carbamidometilação como uma modificação fixa, oxidação da metionina como modificação variável, permissão de até uma clivagem de tripsina perdida e uma tolerância de 0,1 Da para precursor e fragmentos de íons. Foram selecionadas as proteínas que apresentaram um *score* acima de 20.

A aquisição dos espectros e o processamento dos dados gerados foram realizados no Laboratório de Espectrometria de Massas e Workstation, do Laboratório Nacional de Biociências – LNBio, no Laboratório Nacional de Luz Sincrotron - LNLS, Campinas – SP, coordenado pela Dra. Adriana Franco Paes Leme com a supervisão da Dra. Bianca Alves Pauletti e MSc. Romênia Ramos Domingues.

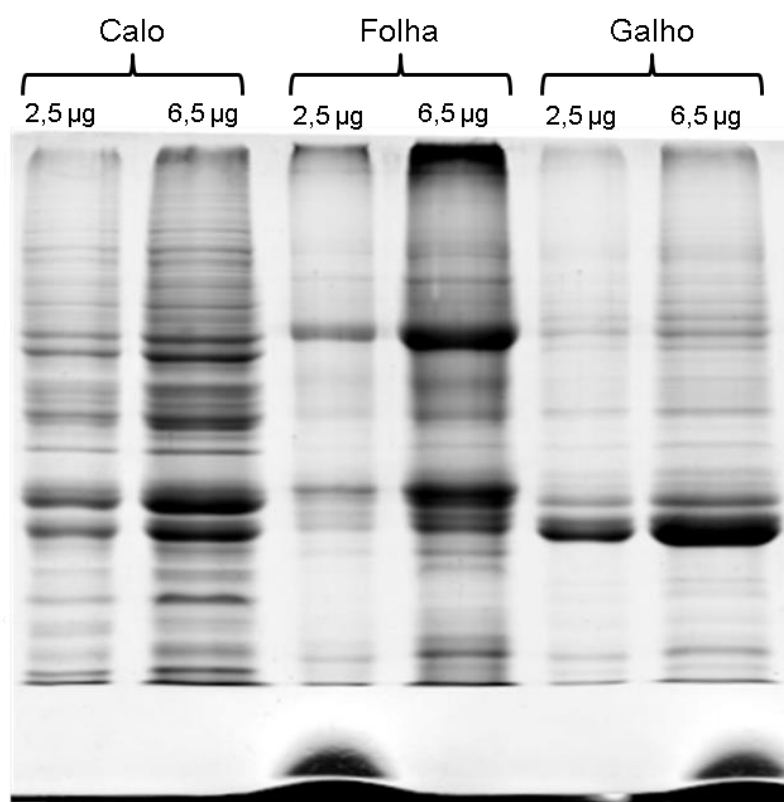
O diagrama de Venn foi produzido pelo sistema *online* de Venn (<http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>). Para a categorização funcional de mudanças diferenciadas das proteínas, o alinhamento de homologia com o *Green Plants* foi pesquisado contra Uniprot KB (<http://www.uniprot.org/uniprot/?query>).



## 5 RESULTADOS E DISCUSSÃO

### 5.1 Obtenção dos extratos proteicos de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*

Os rendimentos protéicos por massa de tecido para calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* foram de 0,65 mg/g, 0,66 mg/g e 0,56 mg/g, respectivamente, sendo inferior ao descrito na literatura para folhas de oliveira (2,5 mg/g, WANG et al., 2003), de uva (3,23 mg/g, JELLOULI et al., 2010) e de milho (1,86 mg/g, WANG et al., 2016). O baixo rendimento para nossos estudos pode ser devido à dificuldade de solubilização do extrato proteico no tampão de solubilização, levando assim, à possível perda de material. O perfil proteico obtido é mostrado na **Figura 12**.



**Figura 12.** Perfil proteico de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*. Os extratos proteicos foram obtidos a partir do método SDS-fenol, analisados por SDS-PAGE e corados com *Comassie blue R-350*. A massa de proteína utilizada é indicada na parte superior do gel.

A preparação de amostras para a análise eletroforética das proteínas totais extraídas de plantas representa um grande desafio porque os tecidos das plantas são ricos em carboidratos, ácidos nucleicos, lipídeos, aminoácidos, terpenos, fenois, pigmentos, ácidos orgânicos e outros metabólitos secundários (PAVOKOVIC et al., 2012). O extrato proteico de *D. macrophylla* foi obtido a partir de tecido vegetal na presença de SDS-fenol (SOUZA et al., 2014).

Com este protocolo foi possível obter proteínas de alta qualidade. Maldonado et al. (2008), analisando o proteoma de folhas de *Arabidopsis thaliana* por 2-DE, obtiveram os melhores resultados em termos pontos resolvidos, intensidade do *spot*, *spots* únicos detectados e reprodutibilidade, utilizando o mesmo método.

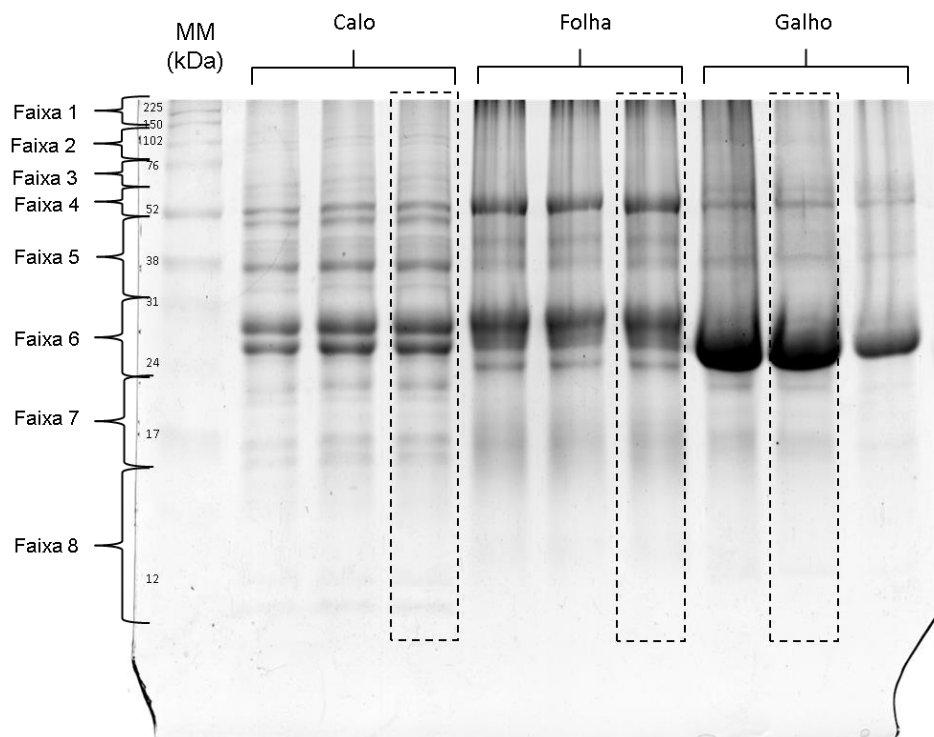
Da mesma forma, Vincent et al. (2006) e Jorrín et al. (2007) informaram que o protocolo SDS/fenol resultou em melhores geis 2-DE para vários tecidos vegetais em termos de número de *spots*. Souza et al. (2014), avaliando o rendimento do extrato proteico do pericarpo de guaraná, obtiveram o melhor resultado com o método SDS/-fenol.

O protocolo de extração de SDS/fenol foi originalmente concebido para extrair proteínas de folhas de oliveiras adultas que são notoriamente recalcitrantes aos métodos comuns de extração de proteínas devido às grandes quantidades de substâncias fenólicas (MALDONADO et al. 2008).

Para as folhas de oliveira, a extração de fenol combinada com a precipitação contínua de TCA/acetona é mais eficiente que um dos métodos sozinho. Este protocolo foi utilizado com sucesso em vários tecidos de diferentes espécies de plantas (RÖHRIG et al, 2006; GÓMEZ-VIDAL et al, 2008; DAM et al, 2009; SOUZA, 2010; ZHAO et al, 2010; ARANJUELO et al, 2010; PARIHAR et al, 2015; SURABHI, 2016; GLENN et al, 2017). Estes resultaram em maiores rendimentos de proteínas e maiores resoluções de *spots*. Com a qualidade e rendimento dos extratos proteicos mostrados na figura 13, foi concluído que o método para extração de proteínas avaliado é compatível para as análises proteômicas subsequentes.

## 5.2 Espectrometria de massas

Na **Figura 13** é mostrado o SDS-PAGE com a seleção das amostras para a análise por espectrometria de massas.



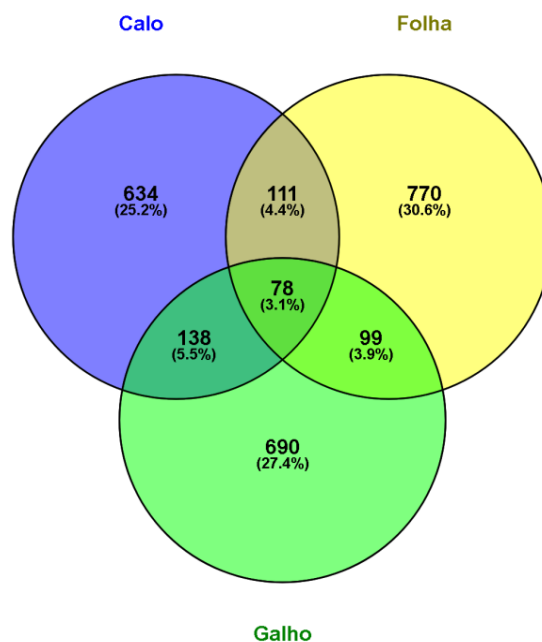
**Figura 13.** Seleção de proteínas de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* por SDS-PAGE para identificação por MS/MS. As linhas pontilhadas representam as replicatas selecionadas para análise. Os extratos proteicos foram obtidos a partir do método SDS-fenol e corados com Comassie *blue* R-350. As faixas (1-8) selecionadas para recorte são indicadas à esquerda. MM – marcador molecular em kDa. Foram utilizados 15 µg de extrato protéico em cada poço.

A partir das faixas (1 a 8) recortadas do SDS-PAGE foram identificadas 961 proteínas em calos, 1.058 proteínas em folhas e 1.005 proteínas em galhos, totalizando 3.024 proteínas. Destas, 930 foram comuns aos dois diferentes tecidos de estudo, e 2.094 foram tecido-específicas, assim distribuídas: 634 em calos, 770 em folhas e 690 em galhos (**Tabela 2**). Dentre as proteínas em comum, 327 são de calos, 288 de folhas e 315 de galhos (**Figura 14**). Os resultados obtidos na identificação das proteínas dos geis SDS-PAGE estão listados nos **Anexos 4, 5 e 6**.

**Tabela 2.** Número de proteínas de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* identificadas a partir de SDS-PAGE

Condição	Proteínas identificadas		
	Comuns entre as condições*	Exclusivas por condição	Total
Calos	327	634	<b>961</b>
Folhas	288	770	<b>1.058</b>
Galhos	315	690	<b>1.005</b>
<b>Total</b>	<b>930</b>	<b>2.094</b>	<b>3.024</b>

\*Presentes em duas ou mais condições



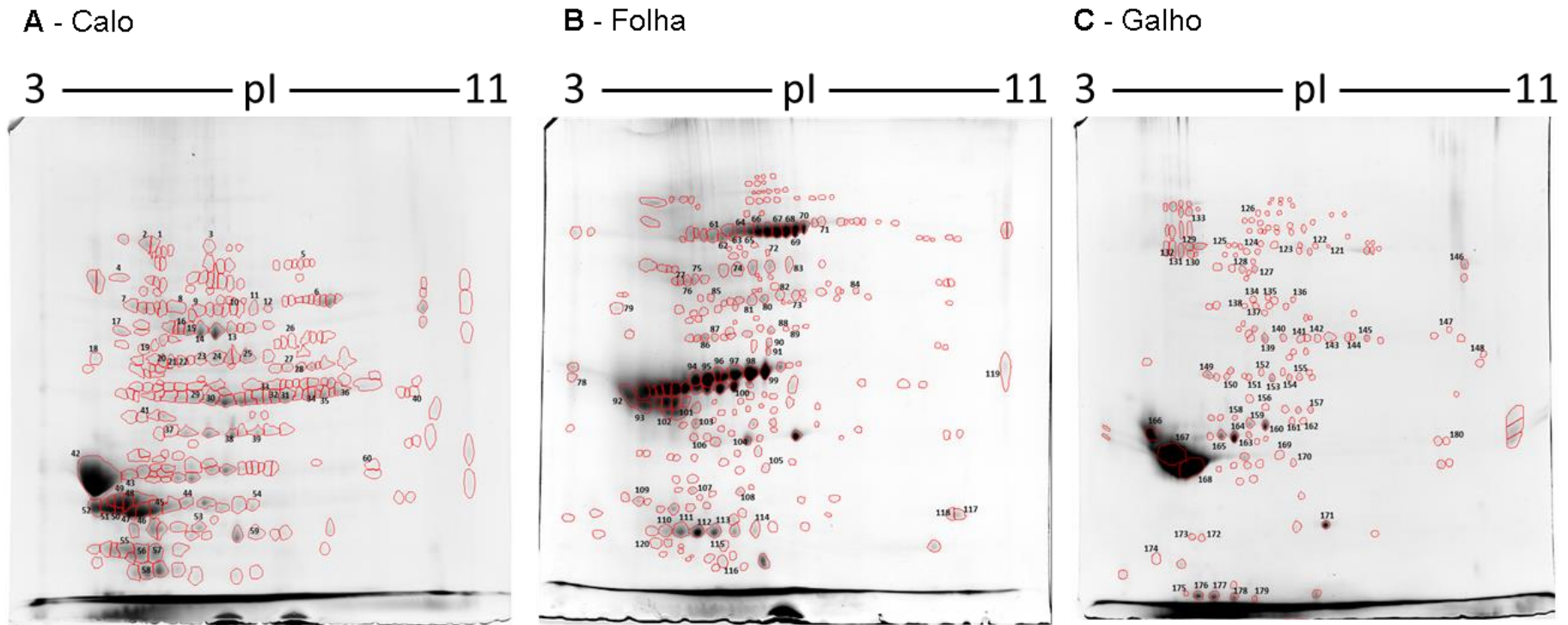
**Figura 14.** Distribuição de proteínas identificadas em calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* a partir de SDS-PAGE. A quantidade total de proteínas foi analisada pela ferramenta Venny 2.1.0 (<http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>) para a obtenção do Diagrama de Venn.

Os mapas proteômicos 2-DE foram obtidos em triplicatas com similaridade igual ou superior a 70 % para cada tecido. Foram identificados 274, 273 e 180 *spots* em calos, folhas e galhos, respectivamente. Os perfis proteômicos assim como *spots* selecionados são mostrados na **Figura 15**.

Os resultados, com relação aos calos, utilizando 250 µg de proteínas para aplicação no gel 2-DE, são comparáveis aos demonstrados por Bian e colaboradores (2010) que identificaram 340 *spots* em calos de *Cyclamen persicum* a partir de 350 µg de proteínas. E, também, com os de *Elaeis guianensis* onde foram identificados de 200 a 500 *spots* a partir de 400 µg de proteínas em géis bidimensionais durante o desenvolvimento de quatro estágios de proliferação celular em meio de cultura com indução de hormônios (SILVA et al., 2014). Ao contrário, os resultados descritos para calos de *Coffea arabica*, onde foram identificadas apenas 120 proteínas (TONIETTO et al., 2012) e, para *Cyathea delgadii*, com 114 proteínas identificadas (DOMZALSKA et al., 2017). Em uma análise proteômica utilizando folhas como material de estudo, Ye e colaboradores (2013) identificaram em torno de 600 *spots* a partir de 900 µg de proteínas e em um outro estudo realizado por Vilhena e colaboradores (2015) com folhas de tomates foram encontrados 211 *spots* com 500 µg de proteínas.

De um total de 180 *spots* selecionados dos géis bidimensionais foram identificadas 153 proteínas, sendo 120 tecido-específicas e 33 proteínas comuns entre os três tecidos estudados. Para 27 *spots* não foram obtidos resultados conclusivos (**Tabela 3**). Os resultados obtidos na identificação das proteínas dos géis bidimensionais estão listados nos **Anexos 1, 2 e 3**.

Aglomerados de *spots* na faixa de pH entre três e cinco são visíveis em todas as replicatas de calos, folhas e galhos. De acordo com Tonietto e colaboradores (2012), estes aglomerados de grupos de proteínas é um evento comum nestes tipos de tecidos ocorrendo o mesmo em géis bidimensionais para *Coffea arabica*.



**Figura 15.** Perfil proteômico de calos (A), folhas (B) e galhos (C) de *D. macrophylla*. Para todas as condições foram utilizadas 250 µg de extrato proteico. A primeira dimensão foi realizada em tiras de 13 cm na faixa de pH 3-11 NL e resolvida na segunda dimensão em SDS-PAGE 12 %. Os géis foram corados com Comassie *blue* R-350. As marcações (em vermelho) dos *spots* foram analisadas no *software Image Master Platinum*. A numeração representa os *spots* selecionados para o recorte e identificação por espectrometria de massas.

**Tabela 3.** Quantidade de proteínas identificadas no gel 2-DE de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*

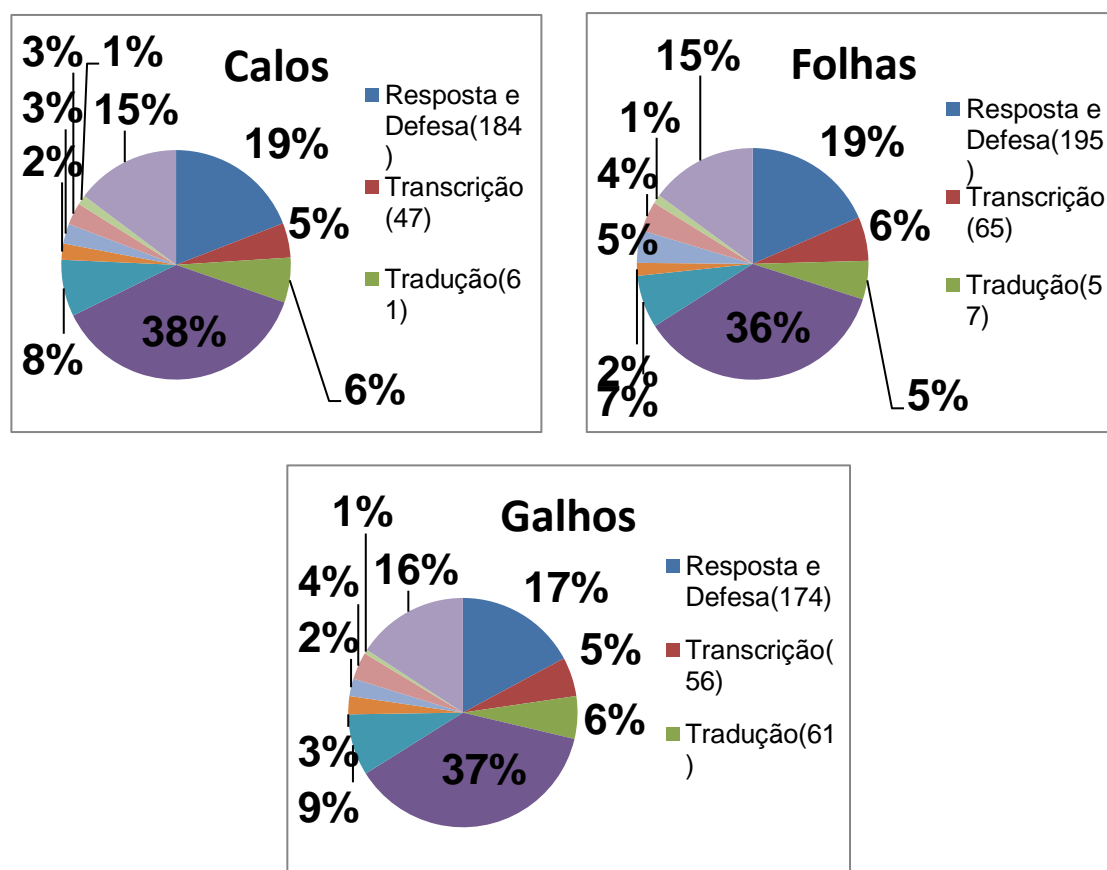
Órgão	Proteínas identificadas		Total
	Comuns entre os órgãos*	Exclusivas por órgão	
Calo	12	40	<b>52</b>
Folha	8	45	<b>53</b>
Galho	13	35	<b>48</b>
<b>Total</b>	<b>33</b>	<b>120</b>	<b>153</b>

\*Presentes em dois ou três órgãos

O passo de precipitação com acetato de amônia foi muito eficiente na remoção de todos os compostos interferentes da amostra, pois os géis SDS-PAGE e 2-DE apresentaram-se livre de arrastes obtendo, assim, boa qualidade para visualização das bandas e *spots*, respectivamente. A adição de solventes para remover substâncias interferentes produziu um extrato proteico de qualidade adequado para o processamento à jusante em nosso estudo. A boa resolução de proteínas é mostrada em toda a faixa de pH 3-11 dos mapas proteômicos bidimensionais e nas bandas dos géis unidimensionais.

A diferença na detecção em relação à quantidade de proteínas no SDS-PAGE e no 2-DE para os tecidos estudados está relacionada ao tipo de equipamento utilizado nas análises. Nossos resultados mostram sua aplicabilidade nas replicatas tornando, assim, o protocolo útil para a realização de géis de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*.

A identificação das proteínas neste trabalho foi gerada por dois equipamentos (Q-TOF e *Orbitrap*) e a categorização destes resultados serão tratados de forma unificada já que todas as proteínas identificadas nos geis bidimensionais foram, também, identificadas nas amostras do SDS-PAGE. Na **Figura 16** é apresentada a classificação das proteínas conforme seu processo biológico de acordo com a anotação do *Gene Ontology*. Para calos, folhas e galhos, os resultados de agrupamentos são similares, sendo o maior grupo o de proteínas relacionadas a processos biossintéticos de sinalização, divisão celular, riboflavinas, giberelinas, RNAs, controle de crescimento, armazenamento entre outros.



**Figura 16.** Representação da classificação funcional da distribuição da anotação do GO para as proteínas identificadas (3.024) para processo biológico em calos, folhas e galhos de *D.macrophylla*.



As proteínas de resposta ao estresse e defesa identificadas em *D. macrophylla* constituem o segundo maior grupo variando entre 17 % e 19 %, seguidas do terceiro grupo do qual é o das proteínas não descritas com 15 % e 16 %. Isto se deve à carência ou ausência de anotações de genomas e proteomas completos nos bancos de dados públicos. As proteínas envolvidas no metabolismo secundário constituem 2% e 3% do total de proteínas identificadas nos tecidos estudados, sendo de fundamental importância na produção de produtos farmacológicos.

## **5.2.1 Descrição dos principais grupos das proteínas identificadas de acordo com a categorização e vias associadas**

### **5.2.2.1 Fotossíntese e Glicólise**

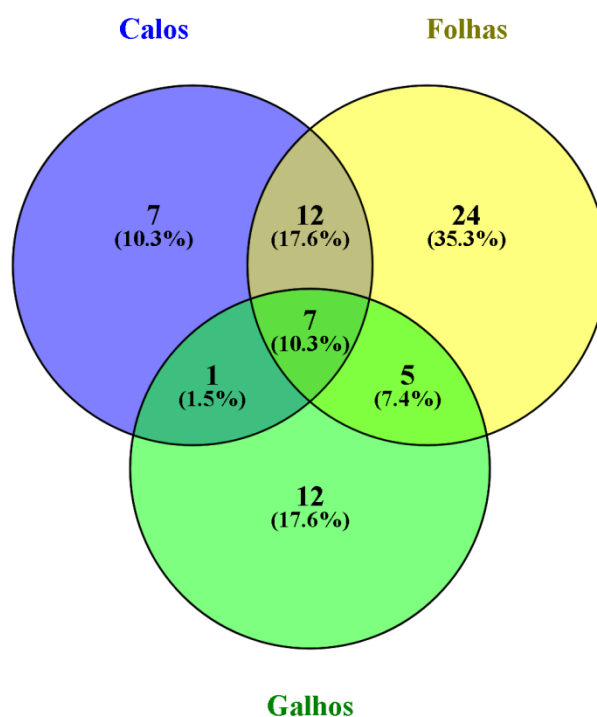
Relacionadas à fotossíntese foram identificadas 27 proteínas em calos, 48 em folhas e 25 em galhos, distribuídas conforme é mostrado no diagrama de Venn (**Figura 17**). Dentre estas estão proteínas do centro de reação dos fotossistemas I e II, fosfato diquinase 2, proteínas de ligação da clorofila, citocromo c oxidase, proteínas potenciadoras envolvendo oxigênio 1, 2, 2-3 e a subunidade de flavoproteína da succinato desidrogenase e a ribulose bifosfato carboxilase/oxigenase - RuBisCO (**Figura 18**). A descrição da distribuição de todas as proteínas nas condições de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* estão no **Anexo 7**.

Os centros de reação são os locais onde são realizados os processos de transformação de energia luminosa para energia química. O complexo do centro de reação do fotossistema I é um grande complexo proteico com múltiplas subunidades. Diferentemente do fotossistema II, onde as clorofilas da antena estão associadas ao centro de reação (NELSON e COX, 2014). As proteínas identificadas em *D. macrophylla* nestes locais estão distribuídas nas três condições estudadas, sendo estas identificadas como comuns e exclusivas dos tecidos analisados.

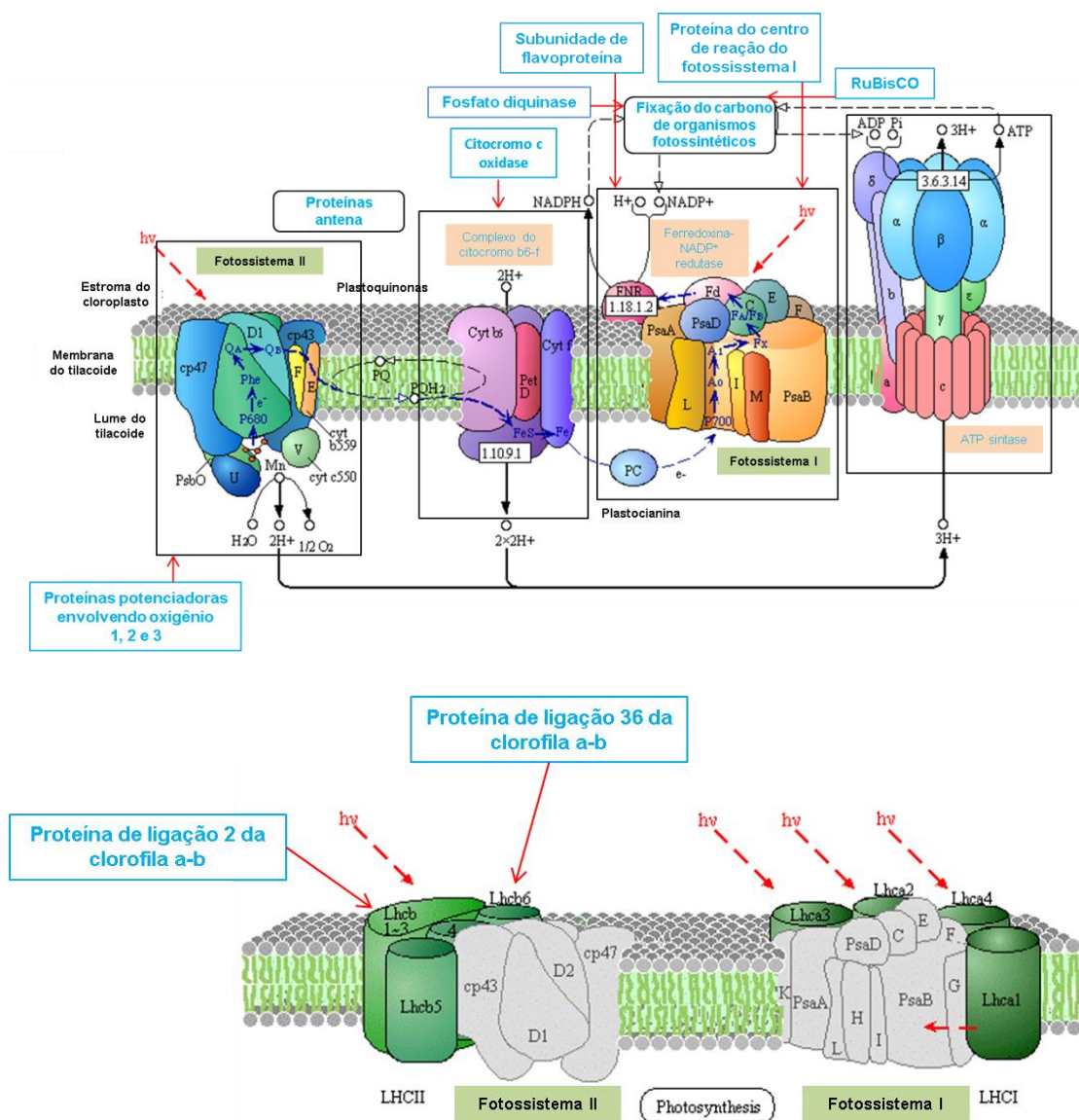
As proteínas de ligação da clorofila funcionam como receptores de luz captando a energia para os fotossistemas. Sabe-se que as folhas são as

maiores responsáveis em transformar a energia luminosa em energia química e os resultados descritos neste trabalho confirmam a presença de muitas destas proteínas em folhas. Embora estas proteínas também tenham sido identificadas em calos e galhos, foram em menor quantidade. No transcriptoma realizado em calos de melão, também foi identificado tais proteínas (ZHANG et al., 2018).

A ribulose-1,5-bisfosfato carboxilase / oxigenase (Rubisco) que catalisa o primeiro passo na assimilação fotossintética líquida de CO<sub>2</sub> e na oxidação fotorrespiratória do carbono (SPREITZER e SALVUCCI, 2002) foi categorizada, neste trabalho, em fotorrespiração e foram identificadas em calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*.

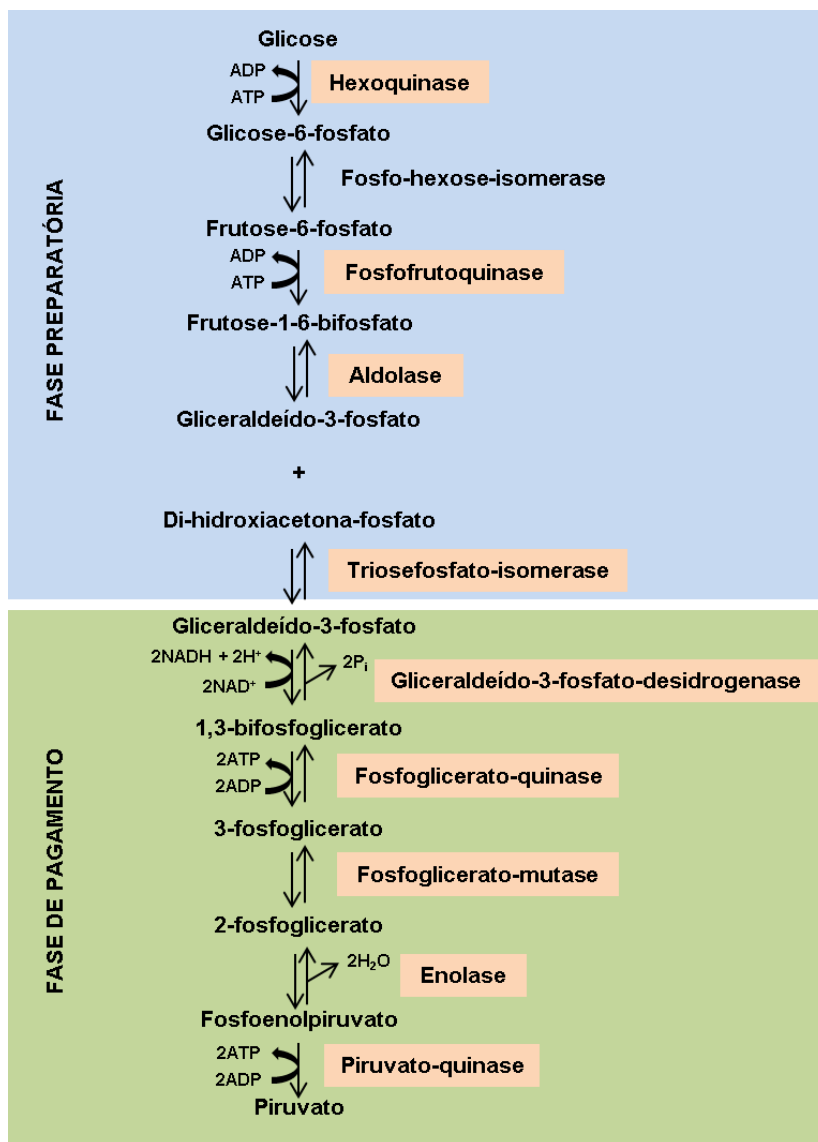


**Figura 17.** Diagrama de Venn das proteínas envolvidas na fotossíntese de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* usando a ferramenta Venny 2.1.0 (<http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>)



**Figura 18.** Fotossíntese. As proteínas em azul são as identificadas neste estudo. Adaptado de Kyoto Encyclopedia of Genes and Genomes (KEGG)

Na via glicolítica em *D. macrophylla* foram identificadas, 30 proteínas em calos, 44 em folhas e 39 em galhos. Dentre estas estão a hexoquinase, fosfofrutoquinase, aldolase, triosefosfato isomerase, gliceraldeído 3-fosfato desidrogenase, fosfoglicerato quinase, fosfoglicerato mutase, enolase e a piruvato quinase que é a enzima que gera o produto final da glicólise (**Figura 19**). A descrição da distribuição de todas as proteínas da glicólise nas condições de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* estão no **Anexo 8**.



**Figura 19.** Via da glicólise. As enzimas em destaque foram as identificadas neste trabalho.

As enolases são metaloenzimas que, como parte da via glicolítica, catalisam a desidratação reversível de 2-fosfoglicerato a fosfoenol piruvato (CANBACK et al., 2002), o que é necessário para a produção de ATP e, além disso, serve como um precursor para a síntese de metabólitos secundários (VERMERRIS e NICHOLSON, 2006).

Tem sido reportado que a enolase está envolvida em muitos processos além do seu papel na glicólise atuando como reguladora da transcrição de determinados genes (LEE et al., 2002) e, também, no envolvimento na

tolerância ao estresse abiótico em plantas. Esta enzima foi identificada nos três tecidos de *D. macrophylla* corroborando com trabalhos de Andriotis et al. (2010) que encontrou máximas quantidades de transcritos de enolase em calos de embriões de *Arabidopsis*. Da mesma forma, Lippert et al. (2005) detectaram uma alta expressão desta proteína em calos de *Picea glauca* e, portanto, sugeriu que a enolase poderia ser um candidato interessante para ser usado como marcador molecular de maturação da embriogênese.

A fosfoglicerato quinase e a gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase, encontradas, também, em calos, folhas e galhos da espécie em estudo, formam um complexo supramolecular que tem efeitos importantes na capacidade catalítica das enzimas constituintes, regulando, assim, a atividade das rotas metabólicas (MARRI et al., 2014).

A enzima gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase, participa tanto na via da glicólise quanto da fase de redução do ciclo de Calvin-Benson, com atividades reversas. Neste último, a enzima atua reduzindo a molécula 1,3-bifosfoglicerato na presença do doador de elétrons NADPH, oxidando-o, formando gliceraldeído 3-fosfato, o qual será utilizado, em grande parte (5:1), para a regeneração da ribulose 1,5-bifosfato, molécula aceptora de CO<sub>2</sub> durante a fixação de carbono. O restante é direcionado para a síntese de amido (para armazenamento), sacarose (para transporte), ou entra diretamente na via glicolítica para produção de energia (SOUZA, 2010).

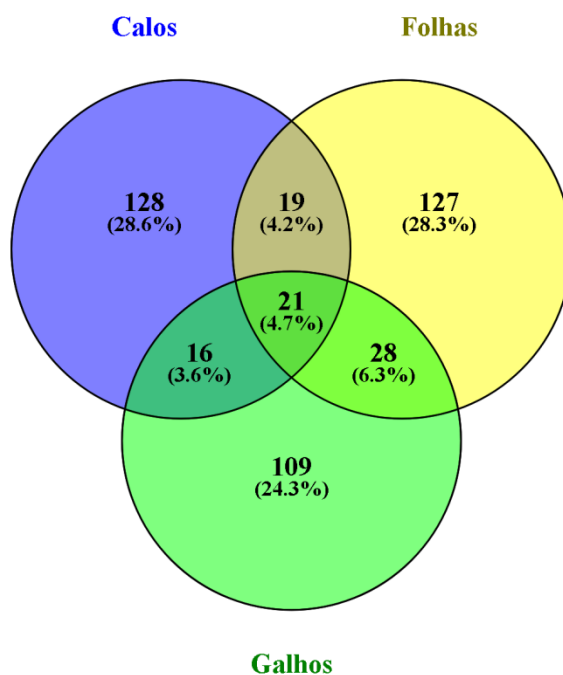
A triosefosfato-isomerase (TFI) catalisa a interconversão de gliceraldeído-3-fosfato para di-hidroxiacetona-fosfato. Os organismos fotossintéticos contêm geralmente duas isoformas da TFI localizados no citoplasma, sendo esta a isoforma, identificada neste trabalho no cloroplasto, em comum para os três tecidos estudados. Enquanto a TFI citoplasmática está envolvida na glicólise a isoforma cloroplasmática participa no ciclo de Calvin-Benson. A TFI citoplasmática tem sido frequentemente estudada como um alvo potencial de ambos glutatilonilação e nitrosilação em estudos de proteômica, sugerindo que a sua atividade pode ser regulada sob condições de estresse através de modificações de resíduos de cisteína (ZAFFAGNINI et al., 2014).

Como visto, a maioria das proteínas relacionadas aos processos de fotossíntese e glicólise foram identificadas. Este evento é comum ocorrer em análises proteômicas de espécies vegetais (BIAN et al., 2010; TONIETTO et al., 2012; TAN et al., 2013; HERINGER et al., 2015; FE et al, 2017). Sendo assim, estes resultados corroboram com dados da literatura devido ao grande número de proteínas identificadas nestas vias, aumentando assim, a confiabilidade da metodologia de análise utilizada para calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*.

#### **5.2.2.2 Proteínas de resposta ao estresse e defesa em *D. macrophylla***

Durante o estresse, os elétrons fotossintéticos são suprimidos e, como consequência, o excesso da energia de excitação é direcionada para a produção de espécies reativas de oxigênio (EROs). Para neutralizar os efeitos nocivos destas EROs, vários aceptores são induzidos e neste trabalho foram detectadas 184 proteínas em calos, 195 em folhas e 174 em galhos de *D. macrophylla*, totalizando 553 proteínas identificadas. Dentre estas, destacam-se a catalase, endoquitinase B, fosforibuloquinase, homólogo de pumilio, isocitrato desidrogenase, L-ascorbato peroxidase 2, taumatina-like, proteína do proteassoma, proteínas 14-3-3, as proteínas de choque térmico e as proteínas ricas em leucina de resistência a doenças (LRR) (**Figura 20**).

Foram, também, identificadas proteínas de estresse e defesa em estudos proteômicos de soja (TOORCHI et al., 2009; ALAM et al., 2010; MOHAMMADI et al., 2012; YILDIZTUGAY et al., 2017) , melancia selvagem (YOSHIMURA et al., 2008), tomates (SHALATA et al., 2001; MITTOVA et al., 2004; NVEAWIAH-YOHO et al., 2013), girassol (Di BACCIO et al., 2004; GHAFARI et al, 2017), tabaco (RAZAVIZADEH et al., 2009; CAI et al., 2014), *Arabidopsis thaliana* (AKTERA et al., 2017), entre outras.



**Figura 20.** Diagrama de Venn das proteínas de resposta ao estresse e defesa de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* usando a ferramenta Venny 2.1.0 (<http://bioinfogp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>)

A infecção por vírus, fungos ou bactérias em várias espécies de plantas desencadeia várias reações complexas, envolvendo a ativação de um conjunto de genes que codificam diversas proteínas. Estes estresses podem induzir alterações bioquímicas e fisiológicas nas plantas, tais como reforço físico da parede celular por meio de lignificação, suberificação e deposição de calose, produção de substâncias fenólicas, fitoalexinas e proteínas relacionadas à patogênese que, subsequentemente, previnem a invasão por patógenos (EBRAHIM e SINGH, 2011).

Várias investigações têm sido realizadas para identificar as proteínas relacionadas ao estresse de plantas (MAJOUL et al., 2004; RINALDUCCI et al., 2011; KOSOVÁ et al., 2013; FAGHANI et al., 2015; YUN-JHIH et al., 2018). Em contrapartida, vários grupos funcionais destas proteínas foram identificados na sinalização, transporte iônico, metabolismo energético (fotossíntese, produção de ATP, respiração), carboidrato, metabolismo de lipídios, metabolismo de osmólitos e fitohormônios, proteínas relacionadas ao

estresse (estresse oxidativo - enzimas sequestradoras EROs), proteínas relacionadas à patogênese, proteínas relacionadas ao estresse osmótico), proteínas associadas ao citoesqueleto, enzimas envolvidas no metabolismo secundário (biossíntese de lignina, degradação de cianato) e outras (JIANG et al., 2007; VEERANAGAMALLAIAH et al., 2008; WANG et al., 2008;; PANG et al., 2010; RASOULNIA et al., 2011; SWAMI et al., 2011; YU et al., 2011; FATEHI et al., 2012; BOUSTANI et al., 2017).

A produção excessiva EROs, tais como o ânion superóxido ( $O_2^-$ ) e peróxido de hidrogênio ( $H_2O_2$ ), é um dos principais mecanismos pelo qual as plantas são danificadas durante o estresse, para os quais estão envolvidos ações não-enzimáticas (principalmente ascorbato e glutatona) e enzimáticas (superóxido dismutase, catalase e peroxidases). Tal estresse oxidativo tem sido demonstrado que ocorre em plantas expostas a altas e baixas temperaturas, particularmente em combinação com altas intensidades de luz, a seca, a exposição ao ar, luz ultravioleta, metais e herbicidas (VRANOVÁ et al., 2002; MITTLER et al., 2004; GILL e TUTEJA, 2010; GALLEGRO et al., 2012; IANNONE et al., 2012).

Os resultados da quantidade de proteínas identificadas envolvidas na resposta ao estresse e defesa (**Anexo 9**) da espécie em estudo para as condições de folhas e galhos já eram esperados devido à espécie ainda não ser domesticada e, conseqüentemente, em decorrência dos fatores bióticos e abióticos. Para os calos foram obtidos resultados similares, ressaltando-se a relevância da utilização de calos por meio de indução para a produção de metabólitos de interesse.

As principais proteínas envolvidas na resposta ao estresse e defesa da planta foram identificadas nos três tecidos estudados para *D. macrophylla* e estão descritas a seguir.

A catalase é uma das principais enzimas na eliminação do  $H_2O_2$  gerado durante a fotorrespiração e a  $\beta$ -oxidação dos ácidos graxos. Atua nos peroxissomos e glioxissomos e pode ser encontrada também em mitocôndrias (DUBEY, 2011). Segundo Breusegem e colaboradores (2001) as plantas possuem várias isoformas de catalase, as quais podem dismutar diretamente



o  $H_2O_2$  ou oxidar substratos, tais como metanol, etanol, formaldeído e ácido fórmico. A catalase e o ciclo do ascorbato-glutationa são importantes na eliminação do  $H_2O_2$  e, apesar de suas propriedades e requisitos serem diferentes, podem funcionar efetivamente em paralelo. Como a catalase opera sem agente redutor, ela fornece às plantas uma forma energeticamente eficiente para remoção do  $H_2O_2$  (SHARMA et al., 2012). A ascorbato peroxidase é uma heme-proteína, da Classe I da superfamília das peroxidases, com distintas formas isoenzimáticas, diversamente reguladas. Suas isoformas podem ser encontradas em citosol, mitocôndrias, peroxissomos, cloroplastos (estroma e ligadas às membranas dos tilacoides) e parede celular (DABROWSKA et al., 2007). A ascorbato peroxidase exige o ácido ascórbico como redutor (SHARMA et al., 2012). Nos cloroplastos e mitocôndrias a ascorbato peroxidase atua no ciclo ascorbato-glutationa, no qual o  $H_2O_2$  formado pela ação da superóxido dismutase é reduzido pelo ascorbato (LOCATO et al., 2010).

Em calos de plantas, certo nível de estresse oxidativo pode desempenhar um papel na estimulação de desdiferenciação celular, promovendo, assim, a formação de embriões somáticos. As catalases, superóxido dismutase e peroxidases têm função na modulação dos níveis de EROs e sinalização de estresse em plantas (PERL et al., 1996; KUTA e TRIPATHI, 2005). A expressão de peroxidase e glutaciona S-transferase identificada no presente estudo pode ser associada à proteção da célula contra os efeitos perigosos da quantidade de EROs, eliminando esses radicais e permitindo a continuidade do processo de calogênese.

Estudos em *Nicotiana* demonstraram que o aumento da atividade da peroxidase ou a diminuição da atividade da catalase estão relacionados com o estresse e indução de morte celular, sendo que a expressão de catalase está frequentemente correlacionada com a maior tolerância às EROs (BARNA et al, 2008).

A isocitrato desidrogenase descarboxila o isocitrato para 2-oxoglutarato (2-OG), o qual é o esqueleto de carbono necessário para a assimilação de amônia através da via da glutamina sintetase / glutamato sintase (HIREL e

LEA, 2002; HODGES, 2002). Ambas são isoformas em plantas dependentes de NAD<sup>+</sup> e NADP<sup>+</sup> (HODGES et al., 2003). A forma dependente de NAD<sup>+</sup> (IDH) é restrita em mitocôndrias e é parte do ciclo do ácido tricarboxílico (TCA), enquanto que a forma dependente de NADP<sup>+</sup> (ICDH) é encontrada no citosol, cloroplastos e peroxissomos, bem como nas mitocôndrias (KRUSE et al., 1998; HODGES, 2002).

As endoquitinases são hidrolases que clivam as ligações glicosídicas aleatoriamente em locais internos ao longo do polímero quitina, originando uma variedade de oligômeros de *N*-acetilglucosamina de baixa massa molecular, tal como diacetilquitobioses e quitotrioses e desempenham um papel fundamental de defesa contra os fungos patogênicos (SHARMA et al, 2011).

As chaperonas (HSPs) são proteínas altamente conservadas, sugerindo funções paralelas em diferentes organismos (CARPER et al., 1987). As HSPs estão divididas em proteínas de grande massa molecular, compreendendo HSP100, HSP90, HSP70, HSP60 e proteínas de baixa massa molecular que consiste em HSP20 ou menores (SARKAR et al., 2009). São consideradas uma das principais classes de moléculas chaperonas em plantas superiores e têm papel crucial para proteger as plantas contra o estresse, restabelecendo a configuração normal de proteína e, assim, ajudando a manter a homeostasia celular (AGHDAM et al., 2013).

As proteínas HSP70 em plantas estão envolvidas em funções específicas adicionais. As HSP70 de cloroplastos (cpHsp70) em *Arabidopsis* estão implicadas no desenvolvimento do cloroplasto (LATIJNHOUWERS et al., 2010). As HSP70 mostram regulação do complexo de desenvolvimento durante as fases de crescimento vegetativo e reprodutivo. Em tomate, os transcritos de HSP70 foram detectados em anteras maduras (DUCK e FOLK, 1994). Vários genes de HSP70 citosólicos em plantas são expressos durante o desenvolvimento da semente, maturação e/ou germinação (DeROCHER e VIERLING, 1995; SUNG et al., 2001). Embora os níveis de proteínas HSP70 são observados como abundantes em sementes secas, os seus níveis diminuíram drasticamente dentro de 72 h após o início de embebição (SUNG

et al., 2001). As HSP70s em plantas, também, são sensíveis a sinais ambientais variados. Vários membros da família das HSP70 do espinafre são regulados por sinal luz/escuro independente do ritmo circadiano (LI e GUY, 2001). Os membros das HSP70 estão envolvidos na translocação pós-traducional de proteínas através de membranas em caso de mitocôndrias e cloroplastos (SU e LI, 2010).

A PUMILIO faz parte de um conjunto de proteínas bastante conservadas da família PUF (sigla proveniente das proteínas PUMILIO de *Drosophila* e FBF do nematódeo *Caemohabditis elegans*) que se ligam ao RNA (ZAMORE et al., 1999). O domínio PUF de ligação a RNA é constituído por oito repetições alinhadas em sequência e localizadas na região C-terminal da proteína. Cada repetição é enovelada em três  $\alpha$ -hélices H1, H2 e H3 (EDWARDS et al, 2001). Huh e Paek (2014) mostraram que a PUMILIO 5 (APUM5) está associada com respostas ao estresse biótico e abiótico. No entanto, a susceptibilidade à infecção por patógenos bacterianos e fúngicos não foi alterado em plantas transgênicas em comparação com plantas selvagens. Em contraste, a APUM5 estava envolvida na resposta ao estresse abiótico.

As LRR são determinantes na especificidade da resposta de defesa da planta. Este simples, mas sofisticado sistema imunológico envolve um alelo específico de interação genética entre um gene hospedeiro R e um gene de agente patogênico (FLOR, 1971). Quando esta interação ocorre, a resposta de defesa é acionada e a resposta é caracterizada pelo rápido fluxo de cálcio e íons, oxidação extracelular, reprogramação transcricional dentro e em torno dos sítios de infecção e, na maioria dos casos, uma morte celular programada localizada, que é denominado a resposta de hipersensibilidade (GREENBERG e VINATZER, 2003; NIMCHUK et al., 2003). Pensa-se que a soma destes eventos leva a uma parada do crescimento do patógeno. Na ausência de reconhecimento específico, uma resposta de defesa basal também ocorre, o que é, aparentemente, impulsionado por padrões moleculares associados a agentes patogênicos (PAMPS, do inglês *Pathogen-Associated Molecular Patterns*), tais como a flagelina e lipopolissacarídeos (GOMEZ-GOMEZ e BOLLER, 2002).

As LRRs foram identificadas em certo número de sistemas para atuar como parceiros de interação em qualquer cascata de sinalização ou como moduladores de atividade da proteína (DEVOTO et al., 1997).

As taumatina-like foi bem caracterizada em várias plantas e a sua estrutura tem sido determinada para oito destas proteínas de plantas, sendo, taumatina (OGATA et al., 1992), zeamatina (BATALIA et al., 1996), o tabaco PR-5d (KOIWA et al., 1997), osmotina (MIN et al., 2004), alérgeno de cereja Pru Av2 (DALL'ANTONIA et al., 2005), TLP de banana (LEONE et al., 2006), NP24-I de tomate (GHOSH e CHAKRABARTI, 2008), alérgeno de maçã (KOPEC et al., 2012), e alérgeno de kiwi (PAVKOV-KELER et al., 2013). Em estudos com uva, as TLPs conferem atividade antifúngica contra os agentes patogênicos, tais como *Phomopsis viticola* e *Botrytis cinerea* (MONTEIRO et al, 2003).

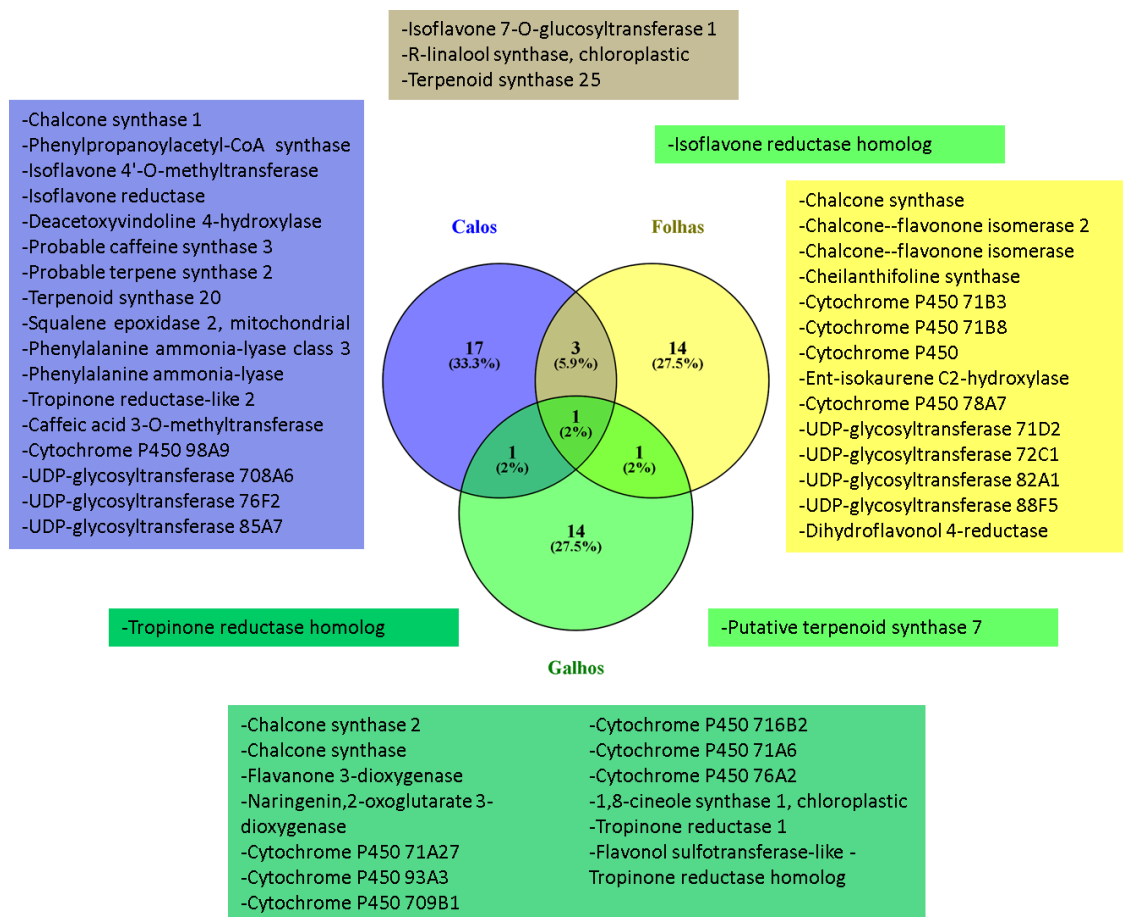
As 14-3-3 são uma família de proteínas reguladoras altamente conservadas em eucariotos que têm sido implicadas em interações proteína-proteína e na mediação nas vias de transdução de sinal (PAUL et al., 2012). A ligação das 14-3-3s pode ter diferentes consequências sobre seus alvos, como mudanças conformacionais, alterações na localização subcelular, variações na atividade intrínseca ou estabilidade e as alterações na afinidade para outras proteínas. Além disso, diferentes membros da família 14-3-3 podem realizar funções específicas em qualquer organismo (PAUL et al., 2012). Abordagens em todo o proteoma revelaram que o interactoma de planta a 14-3-3 é comparável em tamanho e complexidade funcional ao seu homólogo em animais (OECKING e JASPERT, 2009), indicando que as 14-3-3s de planta podem afetar muitos processos celulares.

Neste sentido, tornou-se cada vez mais evidente que estas proteínas medeiam a transdução de sinal associada com respostas das plantas aos hormônios, bem como estresses bióticos e abióticos (DENISON et al., 2011). Recentemente, proteínas 14-3-3 foram encontradas interagindo, *in vivo*, com um subconjunto de proteínas ligadas a biossíntese de etileno, regulando, assim, sua atividade (CHANG et al., 2009; HUANG et al, 2013; YOON e

KIEBER, 2013), o que sugere fortemente que elas também desempenham um papel na resposta ao etileno.

### **5.2.2.3 Proteínas envolvidas no metabolismo secundário em *D. macrophylla***

Neste trabalho foram identificadas 51 proteínas envolvidas na produção de metabólitos secundários (**Quadro 2**) distribuídas entre os diferentes tecidos estudados, sendo 17 exclusivas em calos, 14 em folhas e 14 em galhos (**Figura 21**). A presença destas proteínas corrobora com resultados descritos por Zanca (2015), que demonstrou presença de alcaloides e terpenos em todos os meses durante um ano e por MARTINS e NUNEZ (2014) que identificaram dois triterpenos, uma chalcona, um ácido fenólico e oito alcaloides em *D. macrophylla*.

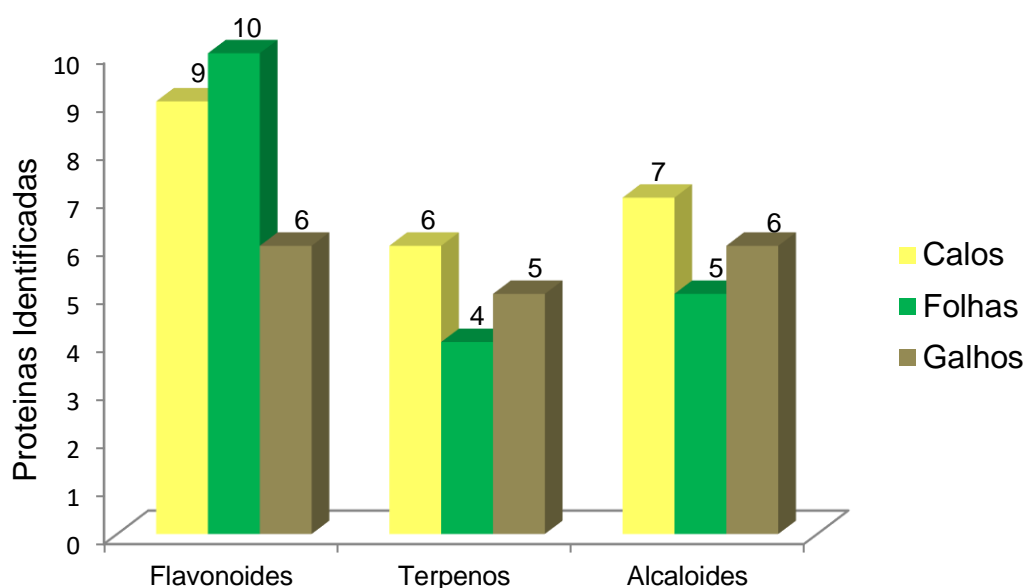


**Figura 21.** Proteínas envolvidas na síntese do metabolismo secundário de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*. O diagrama de Venn foi obtido utilizando a ferramenta Venny 2.1.0 (<http://bioinfo.gp.cnb.csic.es/tools/venny/index.html>). No gráfico é apresentado proteínas exclusivas e em comuns entre as condições.

**Quadro 2.** Proteínas identificadas envolvidas no metabolismo secundário: flavonoides, terpenos e alcaloides em calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*

	CALOS	FOLHAS	GALHOS
<b>FLAVONOIDES</b>	<p>Chalcone synthase 1 (P30073)</p> <p>Isoflavone 4'-O-methyltransferase (Q84KK4)</p> <p>Isoflavone 7-O-glucosyltransferase 1 (A6BM07)</p> <p>Isoflavone reductase (P52575)</p> <p>Isoflavone reductase homolog (P52578)</p> <p>Phenylpropanoyl-CoA synthase (C0SVZ5)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 708A6 (A0A096SRM5)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 76F2 (Q9M051)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 85A7 (Q9LME8)</p>	<p>Chalcone synthase (P30078)</p> <p>Chalcone-flavonone isomerase(Q3Y4F4)</p> <p>Chalcone--flavonone isomerase 2 (Q9FKW3)</p> <p>Dihydroflavonol 4-reductase (P51102)</p> <p>Isoflavone 7-O-glucosyltransferase 1 (A6BM07)</p> <p>Isoflavone reductase homolog (P52578)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 71D2 (O82385)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 72C1 (O23205)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 82A1 (Q9LHJ2)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 88F5 (D3UAG6)</p>	<p>Chalcone synthase 2 (Q96562)</p> <p>Flavonol sulfotransferase-like (P52838)</p> <p>Isoflavone reductase homolog (P52578)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 71B1 (Q9LSY9)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 72B2 (Q8W4C2)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 85C1 (Q6VAA4)</p> <p>UDP-glycosyltransferase 88B1 (Q6VAA7)</p>
<b>TERPENOS</b>	<p>Probable terpene synthase 2 (B9SCB6)</p> <p>Squalene epoxidase 2, mitochondrial (O81000)</p> <p>Terpenoid synthase 20 (Q9FI27)</p> <p>Terpenoid synthase 25 (Q9LIA1)</p> <p>Tropinone reductase homolog (P50165)</p> <p>Tropinone reductase-like 2 (H9BFQ1);</p> <p>R-linalool synthase, chloroplastic (Q5SBP3)</p>	<p>Ent-isokaurene C2-hydroxylase (A3A871)</p> <p>Putative terpenoid synthase 7 (O65434)</p> <p>R-linalool synthase, chloroplastic (Q5SBP3)</p> <p>Terpenoid synthase 25 (AtTPS25) (Q9LIA1)</p>	<p>1,8-cineole synthase 1, chloroplastic (PODI76)</p> <p>Putative terpenoid synthase 7 (O65434)</p> <p>Tropinone reductase 1 (P50162)</p> <p>Tropinone reductase homolog (P50165)</p>
<b>ALCALOIDES</b>	<p>Caffeic acid 3-O-methyltransferase (Q8W013)</p> <p>Cytochrome P450 98A9 (Q9CA60)</p> <p>Deacetoxyvindoline 4-hydroxylase (O04847)</p> <p>Phenylalanine ammonia-lyase (O04058)</p> <p>Phenylalanine ammonia-lyase class 3 (P19143)</p> <p>Probable caffeine synthase 3 (Q9AVK1)</p>	<p>Cheilanthifoline synthase (B5UAQ8)</p> <p>Cytochrome P450 71B3 (O65785)</p> <p>Cytochrome P450 71B8 (P58048)</p> <p>Cytochrome P450 78A7 (Q9FIB0)</p> <p>Cytochrome P450 82A2 (O81972)</p>	<p>Cytochrome P450 93A3 (O81973)</p> <p>Cytochrome P450 709B1 (Q9ASR3)</p> <p>Cytochrome P450 716B2 (Q50EK0)</p> <p>Cytochrome P450 71A6 (O04164)</p> <p>Cytochrome P450 76A2 (P37122)</p> <p>Caffeic acid 3-O-methyltransferase (Q9SWC2)</p>

De acordo com a **Figura 22**, as folhas possuem a maior quantidade de proteínas envolvidas com síntese de flavonoides (dez), seguido de calos com nove e galhos com seis. Em relação às proteínas envolvidas com a síntese de terpenos, os calos, galhos e folhas possuem sete, cinco e quatro, respectivamente. Quanto as proteínas envolvidas com a síntese de alcaloides, os calos possuem sete, os galhos, seis e as folhas possuem cinco proteínas identificadas.



**Figura 22.** Classificação das proteínas identificadas envolvidas na biossíntese dos metabólitos secundários. Destas, 25 são flavonoides, 15 são terpenos e 19 são alcaloides distribuídos para calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*

#### a) Proteínas envolvidas na produção de Flavonoides em *D. macrophylla*

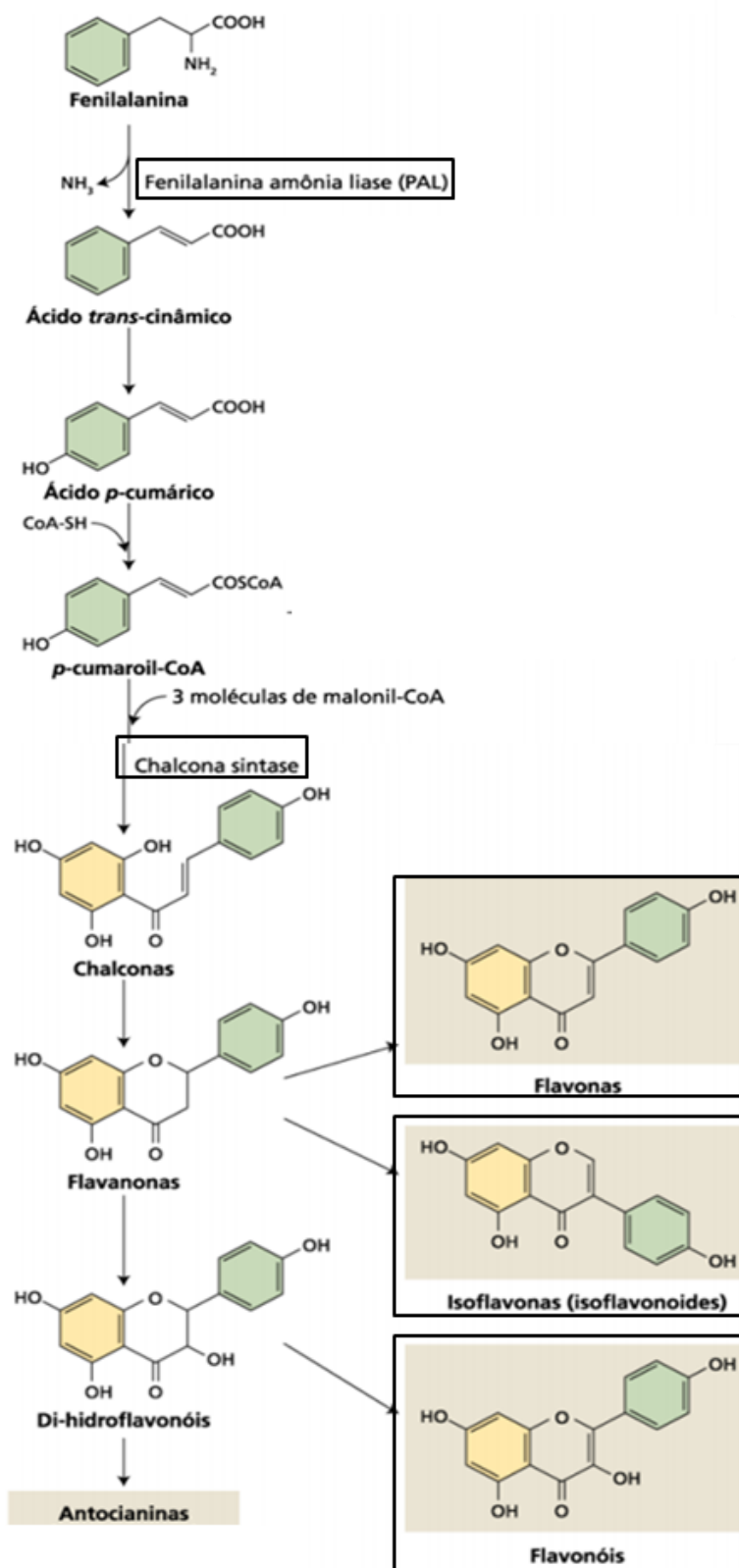
Entre as proteínas identificadas envolvidas com a produção de flavonoides neste trabalho, estão a fenilalanina amônia liase que inicia a biossíntese dos compostos fenólicos (**Figura 23**), isoflavona redutase, isoflavona metiltransferase, isoflavona glucosiltransferase, chalcona sintase, chalcona flavonona isomerase, flavonona dioxigenase (narigenina 2-oxoglutarato 3-dioxigenase) e flavonol sulfotransferase (**Figuras 24, 25 e 26**).



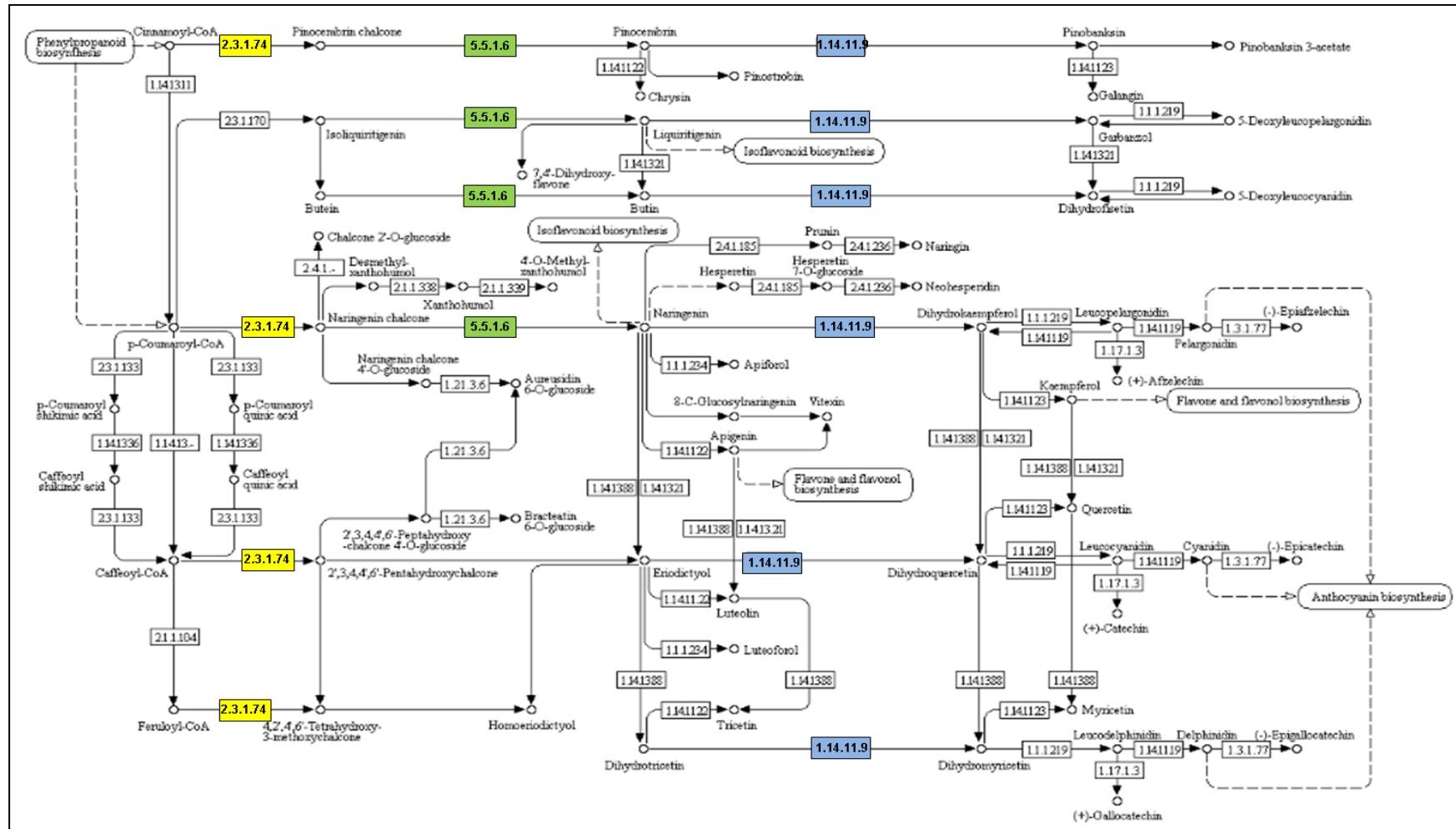
A isoflavona redutase (IFR) foi identificada nas condições de folhas e galhos. Em alfafa esta enzima está envolvida na última parte da via de fitoalexinas de isoflavonoides (PAIVA et al., 1991). Os níveis de IFR em resposta a *Ascochyta rabiei* em grão de bico foram elevados, sugerindo que as IFRs desempenham um papel importante na determinação de resistência a fungos (DANIEL et al., 1990). Em feijão, a redução dos níveis de IFR afetou o crescimento, o alongamento das raízes laterais e o número de nódulos desenvolvidos (RÍPODAS et al., 2013). Além disso, várias proteínas IRL (*IFR-like*) têm sido implicadas na resposta ao estresse biótico ou abiótico (SALEKDEH et al., 2002; SHOJI et al., 2002; KIM et al., 2003a, 2010b).

As substâncias fenólicas são biossintetizadas de várias maneiras. Nas plantas superiores, a maioria é derivada da fenilalanina, um produto da rota do ácido chiquímico. Dentre as muitas vias existentes para síntese dos compostos secundários em plantas, existe uma de grande importância, a via dos fenilpropanoides, mais conhecida como a via dos derivados de flavonoides (WINKEL-SHIRLEY, 2001).

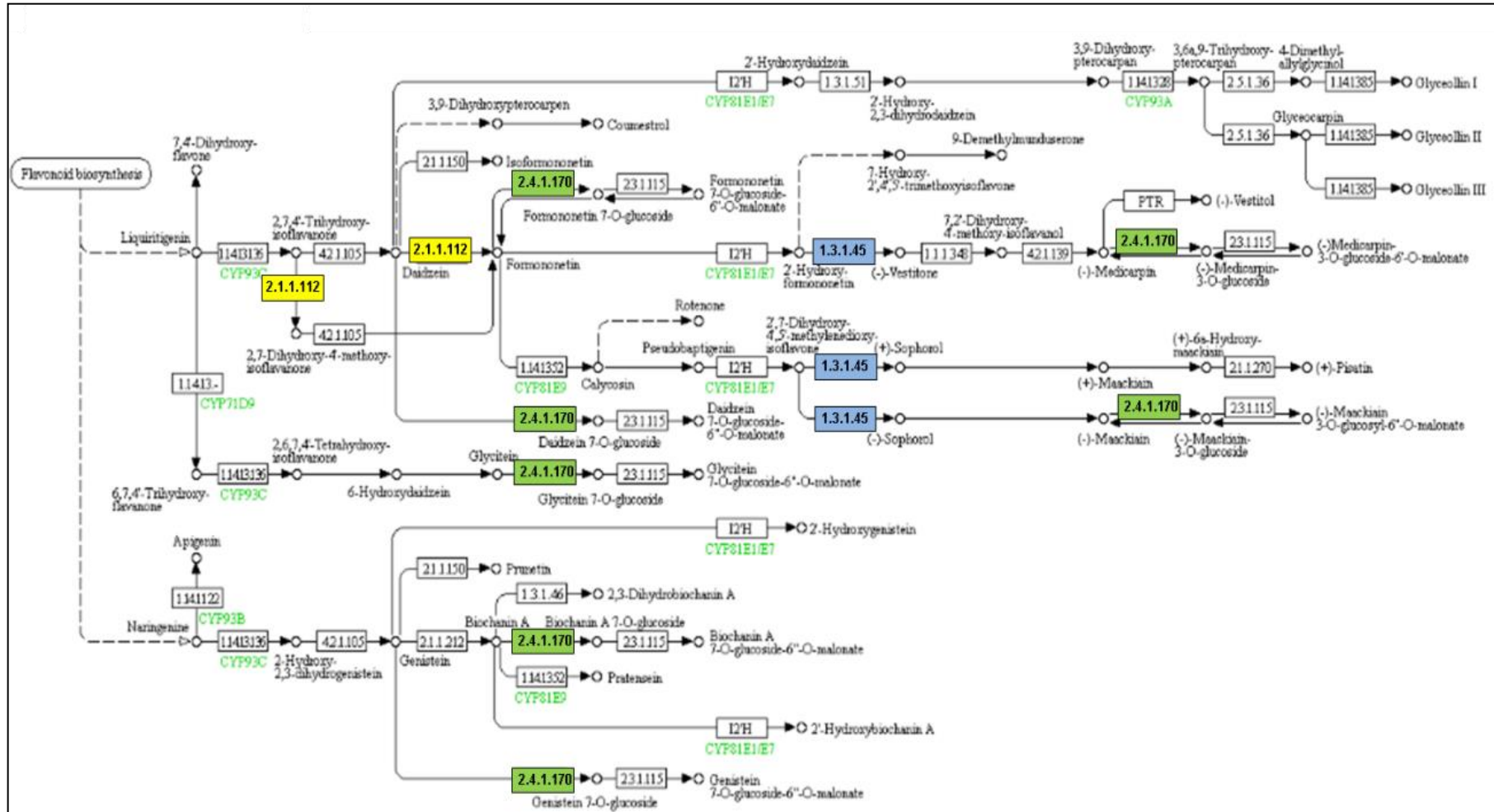
Em um estudo realizado com espécies da família Rubiaceae dos gêneros *Duroia* e *Ferdinandusa*, com o objetivo de avaliar a citotoxicidade, os resultados apresentaram atividades antioxidante e antifúngica contra *Epidermophyton floccosum*, *Microsporum canis*, *Trichophyton mentagrophytes* e *T. rubrum* indicando a presença de constituintes químicos de substâncias antioxidantes como os flavonoides (MESQUITA et al., 2015).



**Figura 23.** Esquema da biossíntese de compostos fenólicos a partir de fenilalanina. A fenilalanina amônia liase e a chalcona sintase foram identificadas neste trabalho. Fonte: Taiz e Zeiger (2013).



**Figura 24.** Biossíntese dos flavonoides. As proteínas em destaque foram identificadas em *D. macrophylla*. Em amarelo (2.3.1.12) Chalcona sintase; Em verde (5.5.1.6) Chalcona flavonona isomerase; Em azul (1.14.11.9) Flavonona dioxigenase. Fonte: KEGG (2018)



**Figura 25.** Biossíntese dos isoflavonoides. As proteínas em destaque foram encontradas neste estudo. Em amarelo (2.1.1.212) Isoflavona 4-O-metiltransferase; Em verde (4.1.1.170) Isoflavona 7-O-glucosiltransferase; Em azul (1.3.1.45) Isoflavonaredutase. Fonte: KEGG (2018)

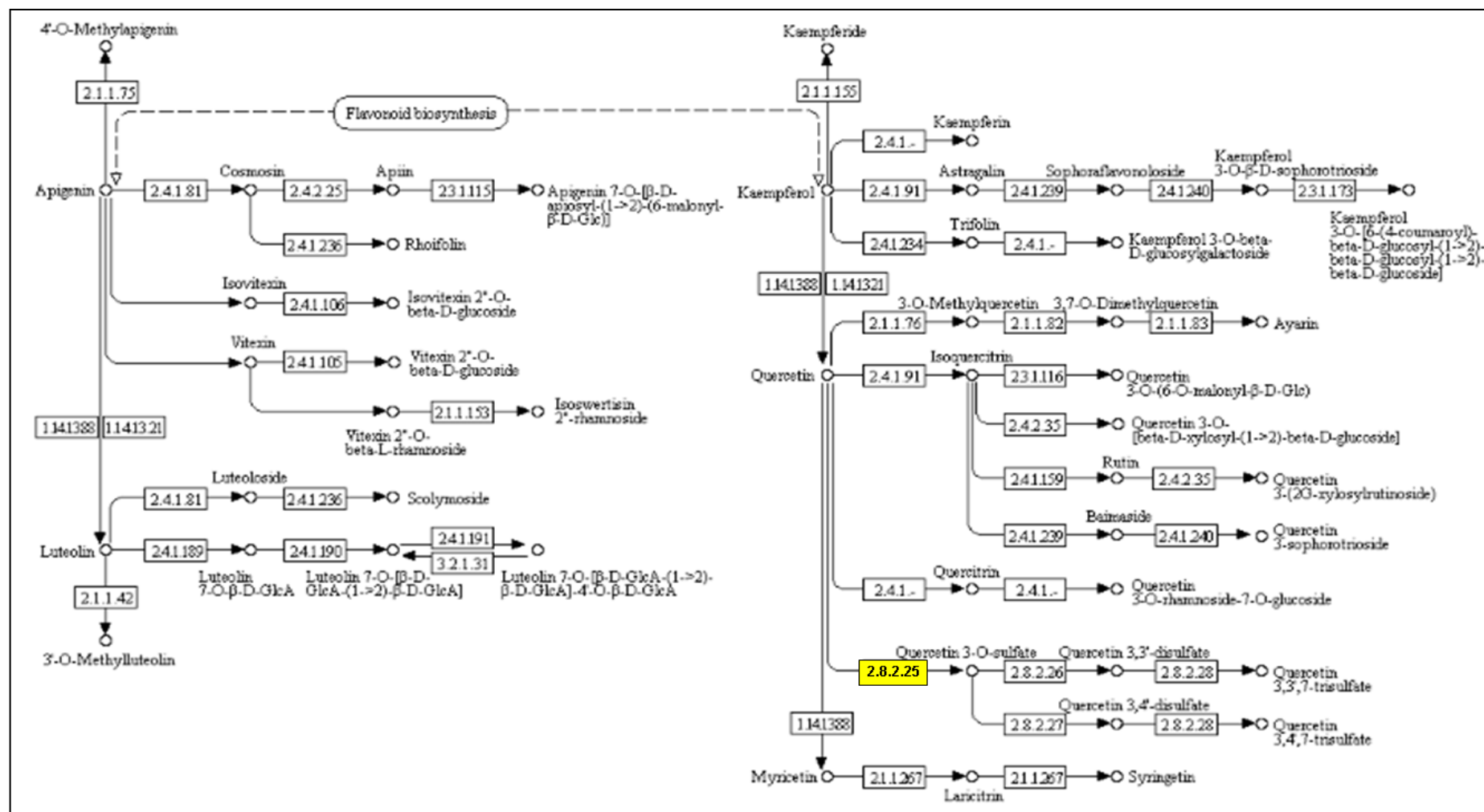


Figura 26. Biossíntese das flavonas e flavonóis. Flavonol sulfotransferase (2.8.2.25; em destaque) foi identificada neste estudo. Fonte: KEGG (2018)

Pesquisas têm demonstrado que isoflavonas como agênisteína e a daidzeína, presentes na soja, apresentam efeito anticancerígeno. Em populações que consomem dietas ricas em soja e seus derivados, é possível observar uma menor incidência de determinados tipos de câncer (côlon, mama e próstata, principalmente) quando comparadas com populações que não consomem esses alimentos (LIU et al., 2007). Estes compostos bioativos apresentam química similar ao estradiol, o principal hormônio feminino e, assim, se encaixam nos receptores do estrogênio. Desta forma, as isoflavonas apresentam a característica mimética com os estrógenos, ao que se atribuem os efeitos e benefícios à saúde e na reposição hormonal (LEITE, 2008).

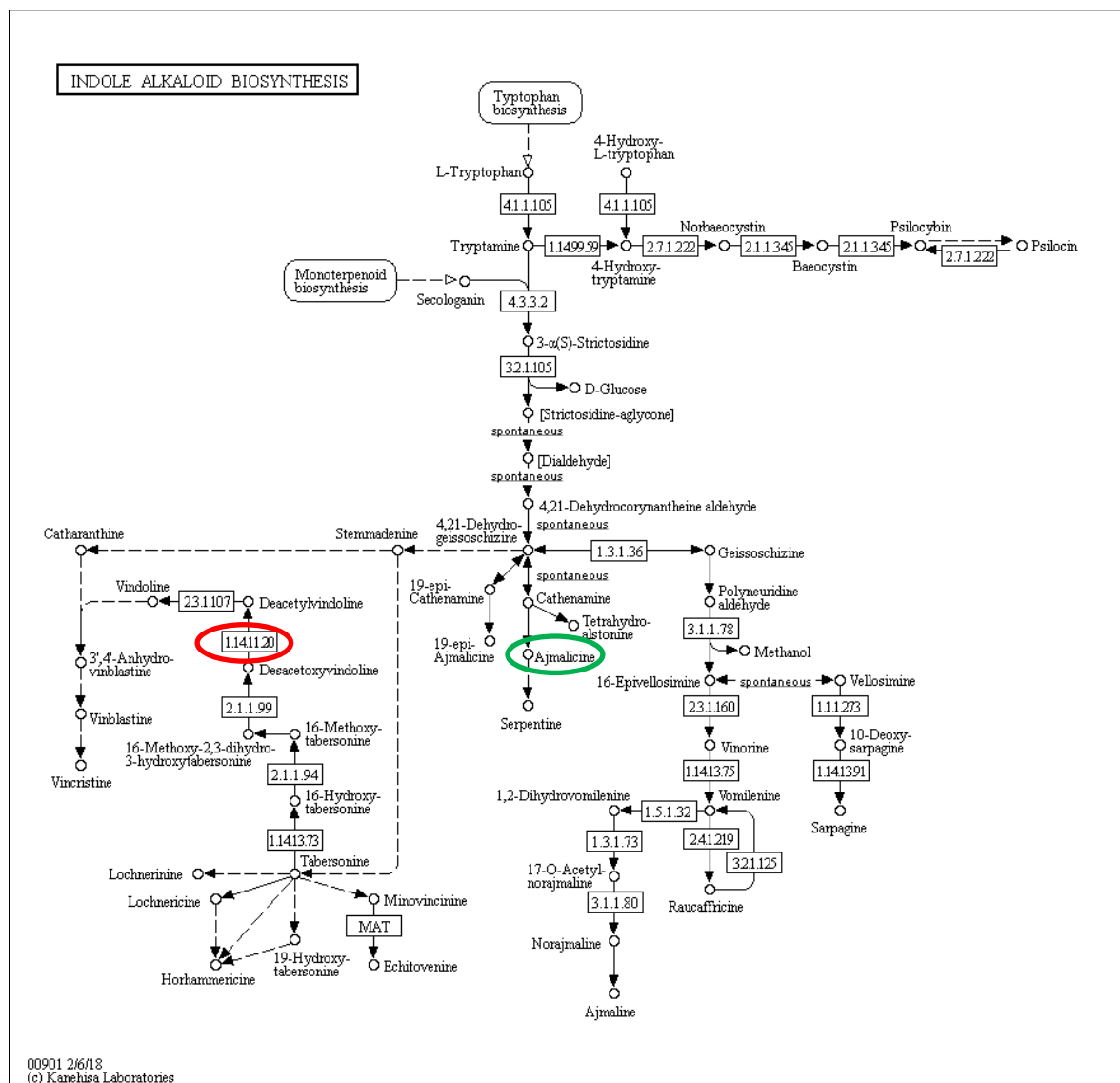
#### **b) Proteínas envolvidas na produção de alcaloides em *D. macrophylla***

As proteínas identificadas na via dos alcaloides são a deacetoxivindolina 4'-hidroxilase, cafeína sintase, xantosina desidrogenase e algumas da família do citocromo P450 (709B1, 716B2, 71A27, 71A6, 71B3, 71B8, 76A2, 82A2, 93A3) incluindo cheilantifolina sintase.

A deacetoxivindolina 4'-hidroxilase é uma importante enzima na via biossintética dos alcaloides monoterpênicos (**Figura 27**) como em *Catharanthus roseus*. Esta espécie é de particular importância devido às suas propriedades anticancerígenas e seu grande uso em tratamento de quimioterapia (De CAROLIS et al., 1990; VAZQUEZ-FLOTA et al., 1997). Esta enzima foi identificada em calos de *D. macrophylla* e participa no penúltimo passo da biossíntese da vindolina, produzindo deacetilvindolina a partir de deacetoxivindolina (GUIRIMAND et al., 2011).

A *Catharanthus roseus* (L.) G. Don (anteriormente como *Vinca rosea* L.) pertence à família Apocynaceae, tem sido usada para controlar o câncer, diabetes, malária, etc., por folclore e fitoterapeutas medicinais tradicionais da Índia durante dois milênios. É uma das plantas medicinais lendárias mais estudadas devido à presença de alcaloides indólicos monoterpênicos ou

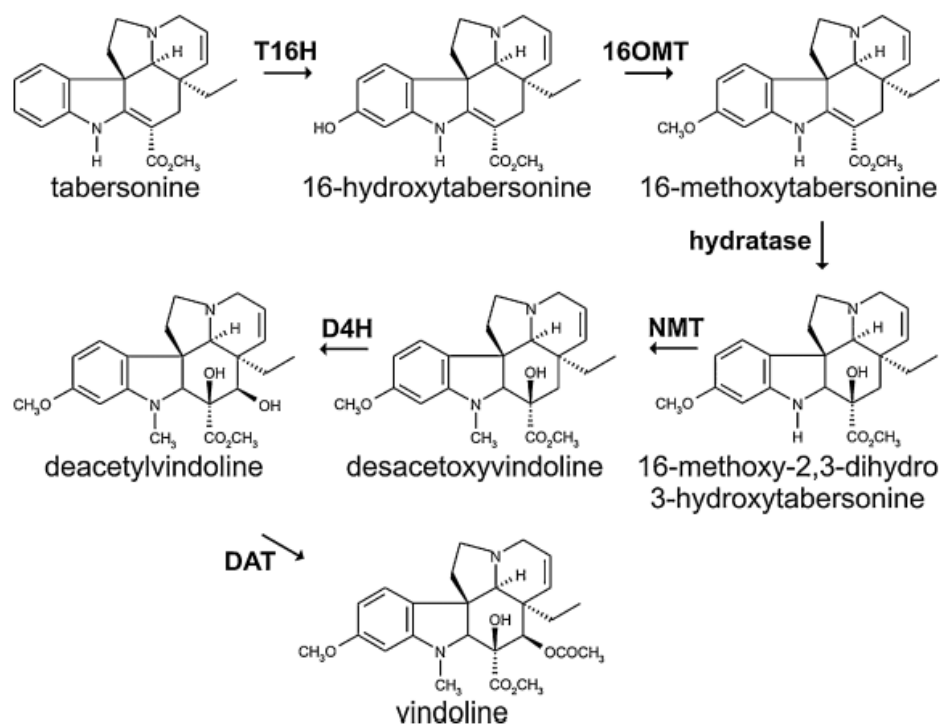
alcalóides indólicos terpenóides. Os componentes ativos do extrato de partes acima do solo contêm os mais reconhecidos medicamentos anti-cânceres, vinblastina e vincristina, alguns agentes antifibrilicos e hipertensivos, enquanto a raiz contém várias drogas bioativas, como ruabasina (ajmalicina), serpentina, vinina, vincamina e reserpina (SENBAGALAKSHMI et al., 2017).



**Figura 27.** Biossíntese dos alcalóides indólicos. Em vermelho, a enzima identificada neste estudo, a deacetilvindolina-4-O-acetiltransferase. Em verde, o metabólito secundário encontrado no trabalho de Martins e Nunez (2014). Fonte: KEGG (2018)



De acordo com Shukla e colaboradores (2006), a produção de vimblastina e vincristina em *C. roseus* é muito baixa (0,0003 % de 2,56 % do conteúdo total de alcaloides. Em um estudo realizado por Mekky e colaboradores (2018) adicionando diferentes concentrações de hormônios em calos de *C. roseus* para o aumento de biomassa de vincristina e vimblastina, a suplementação superior de auxina à cinetina no meio de cultivo foi onde obtiveram melhores resultados. É provável que a adição de 4 mg.L<sup>-1</sup> de 2,4-diclorofenoxiacético (2,4-D) e 2 mg.L<sup>-1</sup> de cinetina (CIN) no meio de cultura, do qual os calos do presente estudo se desenvolveram, tenha contribuído para a produção e, conseqüentemente, a identificação de deacetoxivindolina 4'-hidroxilase que é responsável pelo último passo na biossíntese de vindolina (**Figura 28**).

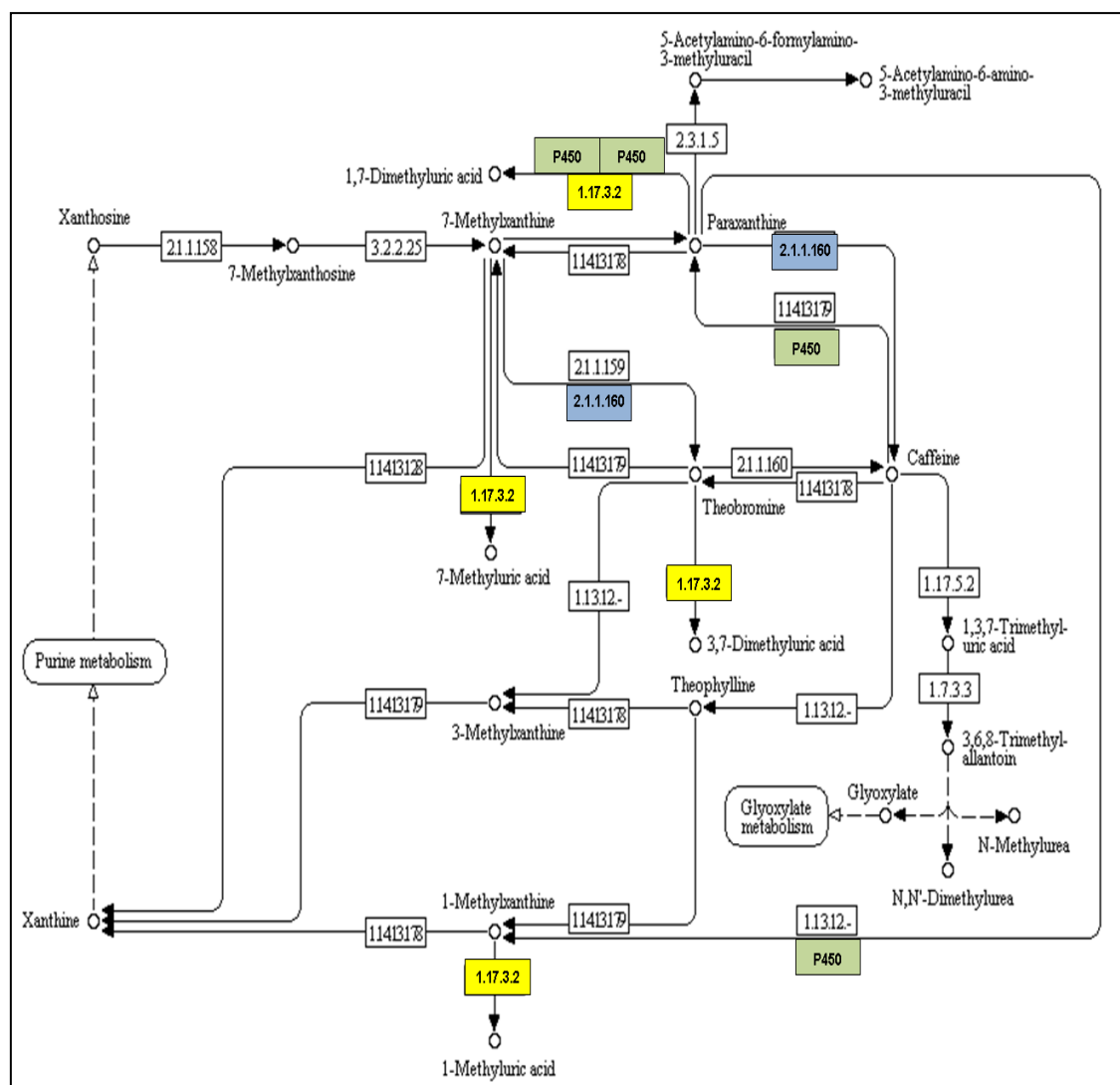


**Figura 28.** Via biossintética da vindolina de tabersonina. A tabersonina é convertida em vindolina por uma série de seis reações catalisadas pela tabersonine 16-hydroxylase (T16H), 16-hydroxytabersonine-16-O-methyltransferase (16OMT), hidratase não caracterizada e Nmethyltransferase (NMT), desacetoxyvindoline4-hydroxylase (D4H) e deacetylvindoline-4-O-acetyltransferase (DAT).

A identificação desta enzima neste trabalho juntamente com a ajimalicina encontrada nos estudos de Martins e Nunez (2015) reforçam a existência da produção de alcaloides indólicos em *D. macrophylla* apesar de apenas uma única proteína ter sido encontrada nesta via biossintética em calos.

Tatsis e O'Connor (2016) afirmam que as plantas produzem um baixo acúmulo de alcaloides indólicos e isto se deve aos mecanismos rígidos da própria planta quanto à regulação no desenvolvimento ambiental, temporal e espacial. Isso pode ser necessário por três razões possíveis: a proteção automática da planta contra a toxicidade celular dos alcaloides biossintetizados; a manutenção da economia de carbono celular e custo energético porque para os alcaloides indólicos os precursores de síntese são retirados do *pool* metabólico primário que sustenta o crescimento; e, o espaço limitado para armazenamento de um produto acabado (PAN et al., 2016). Portanto, não é de surpreender que a maioria dos alcaloides indólicos seja biossintetizada de uma forma que se baseia nas necessidades e em quantidades que sejam suficientes apenas para realizar uma tarefa ecológica para a planta (VERMA et al., 2017).

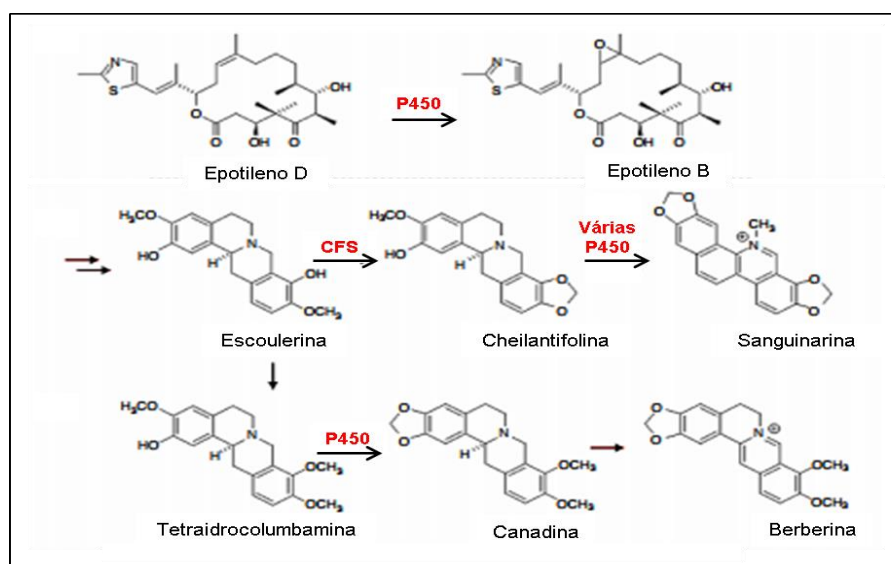
Outra enzima detectada foi a cafeína sintase que cataliza os dois últimos passos na biossíntese da cafeína (**Figura 29**). Esta enzima é encontrada na biossíntese da cafeína que é o alcaloide de purina encontrado em algumas espécies de plantas, incluindo cacau e plantas chinesas.



**Figura 29.** Biossíntese da cafeína. As proteínas em destaque foram encontradas neste estudo. Em amarelo (1.17.3.2) Xantina desidrogenase; Em verde P450; Em azul (2.1.1.160) Cafeína sintase. Fonte: KEGG (2018)

Encontradas, também, nesta via biossintética estão as P450 que participam em vias de plantas derivadas de terpenos e de alcaloides e frequentemente envolve enzimas em diferentes tipos de células e compartimentos subcelulares, como exemplificado na biossíntese do precursor de drogas anticancerígenas, a vindolina e, também, na obtenção de epotileno B, sanquinarina e berberina (**Figura 30**). Estas proteínas foram encontradas em maior parte nos galhos de *D. macrophylla* e corrobora com os estudos de Martins e Nunez (2014) que identificaram oito alcaloides indólicos monoterpênicos em galhos de *D. macrophylla*: 10-metoxi-ajimalicina,

11-metoxi-ajimalicina, 11-metoxi-3-isoajimalicina, 9-metoxi-3-isoajimalicina, 9-metoxi-19-epi-3-isoajimalicina, 10-metoxi-19-epi-3-isoajimalicina, 10-metoxi-3-isorauenticina e 10-metoxi rauniticina. A ajimalicina está presente na mesma via biossintética da vindolina as quais são produtos do triptofano. As enzimas envolvidas na via dos alcaloides, identificadas no presente estudo, aumentam a possibilidade de muitos outros alcaloides serem descobertos na espécie. Contudo, estudos adicionais devem ser realizados a fim de propiciar a identificação e caracterização de outras enzimas desta importante via metabólica.



**Figura 30.** Biossíntese de alguns produtos naturais que requerem a presença do citocromo P450 incluindo cheilantifolina sintase (CFS). A diversidade de locais de reconhecimento de substrato P450 induz a adaptabilidade do metabolismo e, assim, múltiplos genes P450 podem metabolizar um substrato, ou um único gene P450 pode metabolizar vários substratos diferentes. Fonte: Schuler (2011).

As P450 são uma grande família de enzimas multifuncionais que atuam no metabolismo de inseticidas e metabólitos secundários venenosos (MAO et al., 2011). Participam da via que tem como produto final a camalexina que tem um papel importante na resposta contra patógenos necrotróficos *Alternaria brassicicola* e *Botrytis cinerea* (THOMMA et al., 1999; FERRARI et

al., 2003; KLIEBENSTEIN et al., 2005; NAFISI et al., 2007), e o oomiceto *Phytophthora brassicae* (SCHLAEPPI et al., 2010), bem como ao fungo biotrófico *Golovinomyces orontii* (CONSONNI et al., 2010; PANDEY et al., 2010).

Em resposta aos metabólitos secundários nas plantas, os insetos geralmente aumentam a expressão inter-relacionada do P450 para ajustar sua defesa (SCHULER, 2011). Foi relatado que o gene P450-6A da mosca doméstica, *Musca domestica*, pode regular o metabolismo de terpenoides de plantas (ANDERSEN et al., 1997) e as enzimas C450-6AS de *Apis mellifera* também podem metabolizar flavonoides e quercetina (MAO et al., 2009), e C450-6CX1 foram associados com resistência por tiametoxam em *Bemisia tabaci* (LI et al., 2013).

### c) Terpenoides

Dentre as proteínas identificadas da via dos terpenoides estão a terpeno sintase (R-linalool sintase), 1,8-cineol sintase e (R)-limoneno sintase que fazem parte da biossíntese dos monoterpenoides, fosfomevalonato quinase, geranilgeranil difosfato redutase, geranilgeranilpirofosfatosintase, isopentenil difosfato delta isomerase, 4-hidroxi-3-metilbut-2-en-1-il difosfato redutase, 4-hidroxi-3-metilbut-2-enil-difosfato sintase, 1-deoxi-D-xilulose-5-fosfato redutoisomerase, (2Z-6Z)-farnesil difosfato sintase, esqualeno epoxidase e, também, ent-isokaurene C2-hydroxylase (**Figura 31**).

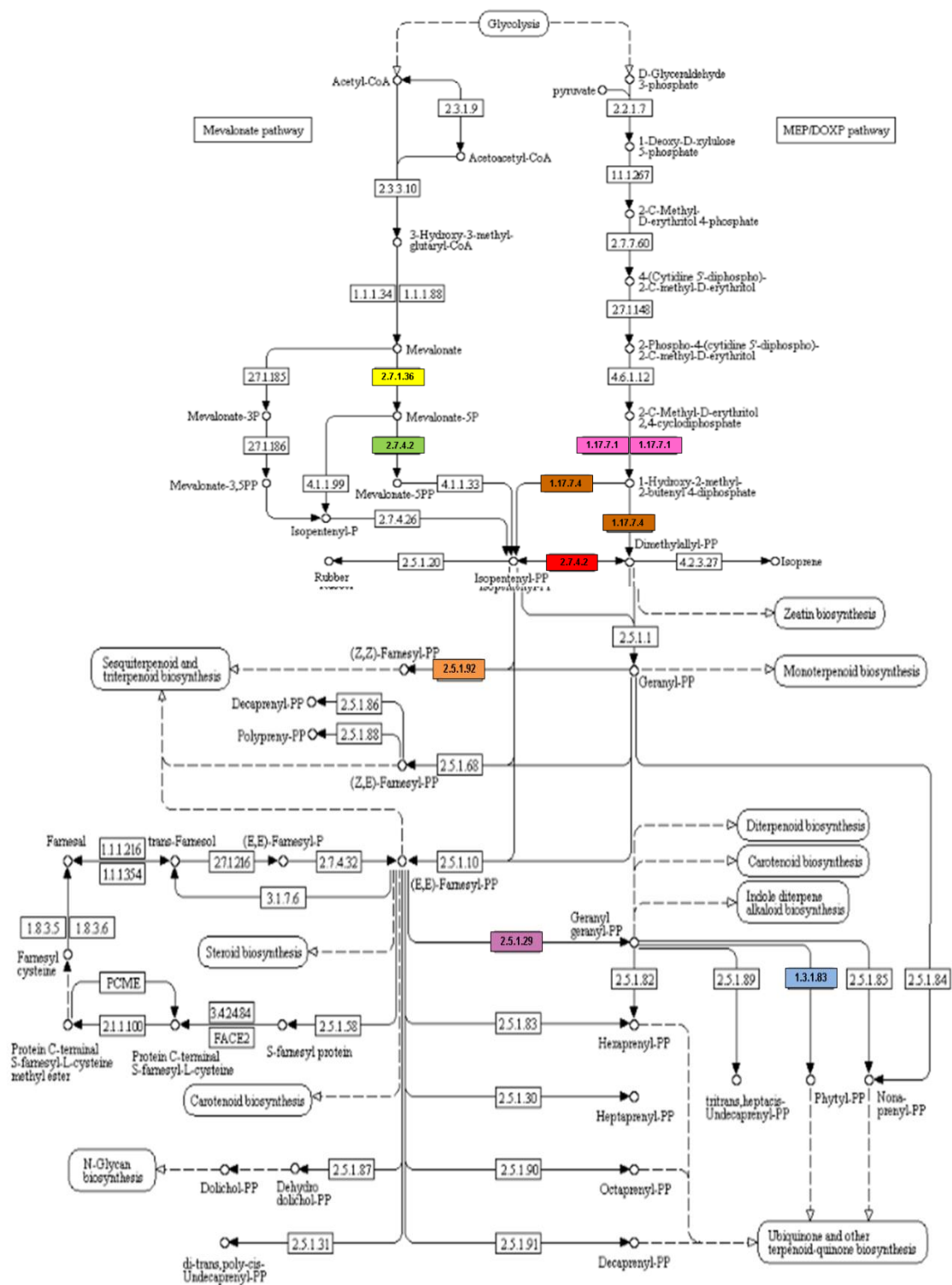
As terpeno sintases, encontradas em calos e folhas de *D. macrophylla*, são responsáveis pela síntese de terpenos. Dentro da classe dos terpenos, Martins e colaboradores isolaram e identificaram, por estudo fitoquímico, dois triterpenos, os ácidos oleanólico e ursólico, para esta mesma espécie.

Os triterpenoides não esteroides são produzidos por conversão de esqualeno em oxidosqualeno e ciclização via formação de cátion dammarenil; A reação é catalisada por oxidosqualenociclases (PHILLIPS et al., 2006). Muitos terpenoides também possuem propriedades farmacêuticas e atualmente estão sendo usados em práticas clínicas. Entre estes terpenoides,

o taxol (diterpeno) de *Taxusbuccata* e a artemisinina (sesquiterpenolactona) de *Artemisia annua* são conhecidos como antineoplásicos e antimaláricos, respectivamente (CROTEAU et al., 2006; POLLIER et al., 2011).

E, também, a proteína identificada neste estudo é a ent-isokaureno C2-hidroxilase, sendo encontrada apenas em folhas de *D. macrophylla*. É um diterpeno sintetizado pela diterpeno sintase em duas vias diferentes: pela da ionização do difosfato, catalisado pela enzima da classe I e o outro é através da protonação do substrato na ligação dupla 14, 15 do geranylgeranyl difosfato; A reação é catalisada por enzimas de classe II (THOLL, 2006).

Não foram identificadas todas as proteínas das vias biossintéticas das quais participam e isto pode estar relacionado a diferentes fatores bióticos e abióticos. Gobbo-Neto e colaboradores (2007) afirmam que o metabolismo secundário de plantas pode variar consideravelmente dependendo de vários fatores, sendo que a constância de concentrações de metabólitos secundários é praticamente uma exceção. Ajustes experimentais podem ser necessários para que uma maior diversidade de proteínas seja identificada, e assim obter vias biossintéticas mais conclusivas para *D. macrophylla* relacionadas à produção de metabólitos secundários.



**Figura 31.** Via do mevalonato. As proteínas em destaque foram encontradas neste estudo. Em amarelo (2.7.1.36) Mevalonato quinase; Em verde (2.7.4.2) Fosfomevalonato quinase; Em azul (Geranilgeranil difosfato redutase); Em vermelho (5.3.3.2) Isopentenil difosfato delta isomerase; Em marrom (1.17.7.4) 4-hidroxi-3-metilbut-2-en-1-il difosfato redutase; Em rosa (1.17.7.1) (E)-4-hidroxi-3-metilbut-2-enil-difosfato sintase; Em cinza (1.1.1.267) 1-deoxy-D-xilulose-5-fosfato redutoisomerase; Em lilás (2.5.1.29) geranilgeranil pirofosfato sintase; Em laranja (2.5.1.92) (2Z-6Z)-farnesil difosfato sintase.

Akula e Ravishankar (2011) afirmam que os fatores de estresse abióticos influenciam o crescimento e a produção de metabólitos secundários em plantas superiores e que de fato, as produtividades dependem da mudança do ecossistema também. Por exemplo, a influência da mudança climática sobre abelhas, borboletas, microbiota do solo, entre outras. Também, afetam a antogenia, adaptação e produtividade da planta.

No entanto, enzimas das quais estão envolvidas na produção, principalmente, de alcaloides como cafeína e vindolina foram identificadas na condição de calos de *D. macrophylla* confirmando, assim, que tais tecidos possuem a capacidade de produzir metabólitos secundários de interesse farmacêutico como os antitumorais produzidos extensivamente por *Catharanthus roseus*.

A principal vantagem de utilizar as culturas de células vegetais inclui a síntese de metabólitos secundários bioativos, independentemente das condições ambientais do solo. O uso de culturas de células vegetais *in vitro* para a produção de produtos químicos e farmacêuticos tem feito grandes avanços utilizando o uso de ferramentas genéticas para regulação de vias do metabolismo secundário.

O aumento do nível de produtos naturais para medicamentos associados ao baixo rendimento e oferta de produtos trouxe preocupações na colheita de plantas e isto renovou o interesse em usinas de grande escala com tecnologia de cultura celular. Fatores bióticos e abióticos que influenciam a produção de metabólitos secundários e, conseqüentemente, no potencial de produzir fitoquímicos úteis para as mais variadas aplicações, além da compreensão molecular relacionado às respostas de estresse e defesa de plantas.



## 6 CONCLUSÃO

O método de extração proteica SDS/fenol resultou em um extrato livre de interferentes permitindo uma diversidade representativa de proteínas para os géis unidimensionais e bidimensionais, revelando o perfil proteômico com qualidade para as condições de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*.

As proteínas identificadas nos géis SDS-PAGE confirmaram a presença destas nos géis 2-DE, expressando proteínas comuns e diferenciais entre as condições analisadas, configurando como um potente marcador molecular do metabolismo de *D. macrophylla*, podendo fornecer informações sobre o monitoramento e compreensão de diferentes respostas biológicas.

As três condições estudadas apresentaram proteínas do metabolismo primário e, também, do metabolismo secundário incluindo terpenos, flavonoides e alcaloides.

A identificação da maioria das proteínas envolvidas no metabolismo primário em *D. macrophylla* solidifica a metodologia utilizada para identificar as do metabolismo secundário que são produzidas em menor concentração.

Das 3.024 proteínas identificadas neste trabalho, 364 são de defesa e resposta ao estresse e 51 do metabolismo secundário, sendo exclusivas e diferenciais entre calos, folhas e galhos.

Dentre os alcaloides identificados nos calos estão a cafeína sintase e a deacetoxivindolina hidroxilase que é uma enzima catalizadora para a produção de vindolina e vincristina, pertencente às vias biossintéticas da cafeína e dos alcaloides indólicos, respectivamente. Isto confirma que esta condição estudada produz metabólitos secundários de interesse farmacêutico.

As proteínas aqui identificadas corroboram com a presença de metabólitos secundários já caracterizados por fitoquímica na espécie estudada. Não há pesquisas relacionadas à presença de alcaloides em calos no gênero *Duroia* e este trabalho foi o primeiro a relacionar a presença de enzimas envolvidas na rota biossintética dessas moléculas.

Este trabalho descreveu pela primeira vez a análise proteômica para calos, folhas e galhos de *D. macrophylla* por meio de espectrometria de massas.

## 7 PERSPECTIVAS

Nossos resultados sugerem que o estresse é um fator importante que contribui para as três condições estudadas. As análises proteômicas são pouco representadas na literatura quando comparado a estudos genômicos; no entanto, a comparação da expressão de dados de proteína com a transcriptômica e metabolômica.

A identificação e compreensão das proteínas quanto às suas funções e respectivas vias metabólicas das quais participam contribuem, assim, para a indução de condições ótimas para o isolamento de moléculas de interesse biotecnológico a partir de extratos vegetais com grande potencial químico e biológico.

O presente trabalho abre perspectivas para futuros estudos mais detalhados como, por exemplo, a importância da transcriptômica e epigenética de *Duroia macrophylla*.

## REFERÊNCIAS

ACOSTA, G. J. A. Alkaloids y compuestos nitrogenados. Facultad de Química Farmacéutica, Medellín, 84 p., 2008.

AERTS, R. J.; SNOEIJER, W.; VAN DER MEIJDEN, E.; et al. Allelopathic inhibition of seed germination by Cinchona alkaloids? *Phytochemistry*, v. 30, p. 2947-2951, 1991.

AGATI, G., AZZARELLO, E., POLLASTRI, S., AND TATTINI, M. Flavonoids as antioxidants in plants: location and functional significance. *Plant Sci.*, v. 196, p. 67–76, 2012.

AGATI, G., BRUNETTI, C., DI FERDINANDO, M., FERRINI, F., POLLASTRI, S., AND TATTINI, M. Functional roles of flavonoids in photoprotection: New evidence, lessons from the past. *Plant Physiol. Biochem.*, v. 72, p. 35–45, 2013.

AGHDAM, M. S.; SEVILLANO, L.; FLORES, F. B.; BODBODAK, S. Heat shock proteins as biochemical markers for postharvest chilling stress in fruits and vegetables. *Scientia Horticulturae*, v. 160, p. 54-64, 2013.

AGRAWAL, G. K.; YONEKURA, M; IWAHASHI, H.; RAKWAL, R. System, trends and perspectives of proteomics in dicot plants. Part I: Technologies in proteome establishment. *Journal of chromatography*.p. 109-123, 2005.

AHERNE, S. A.; O'BRIEN, N. M. Dietary flavonols: chemistry, food content, and metabolism. *Nutrition*, v. 18, n. 1, p. 75-81, 2002.

AJIKUMAR, P. K.; TYO, K.; CARLSEN, S.; MUCHA, O.; PHON, T. H.; Stephanopoulos G. Terpenoids: Opportunities for biosynthesis of natural product drugs using engineered microorganisms. *Molecular Pharmaceutics*, v.5, p. 167–190, 2008.

AKTERA, S.; CARPENTIER, S; BREUSEGEMA, F. V.; MESSENS, J. Identification of dimedone-trapped sulfenylated proteins in plants under stress. *Biochemistry and Biophysics Reports*, v. 9, p. 106–113, 2017.

AKULA, R.; RAVISHANKAR, G. A. Influence of abiotic stress signals on secondary metabolites in plants. *Plant signaling & behavior*, v. 6, n. 11, p. 1720-1731, 2011.

ALAM, I.; SHARMIN, S. A.; KIM, K. H.; YANG, J. K.; CHOI, M. S.; LEE, B. H. Proteome analysis of soybean roots subjected to short-term drought stress. *Plant and Soil*, v. 333, n. 1-2, p. 491-505, 2010.

ALVES, R.M.S.; STEHMANN, J.R.; ISAIAS, R.M.S.; BRANDÃO, M.G.L. Caracterização botânica e química de *Rudgea viburnoides* (Cham.) Benth., (Rubiaceae). *Revista Brasileira de Farmacognosia*, v.14, n.1, p.49-56, 2004.

ANDERSEN, J. F.; WALDING, J. K.; EVANS, P. H.; BOWERS, W. S.; FEYEREISEN, R. Especificidade do substrato para a epoxidação de terpenóides e topologia do sítio ativo da mosca doméstica do citocromo P450 6A1. *Chem Res Toxicol*, v. 10, n. 2, p. 156-164, 1997.

ANDREW, R. L.; PEAKALL, R.; WALLIS, I. R.; FOLEY, W. J. Spatial distribution of defense chemicals and markers and the maintenance of chemical variation. *Ecology*, v. 88, p. 716–728, 2007.

ANDRIOTIS, V. M. E.; KRUGER, N. J.; PIKE, M. J.; SMITH, A. M. Plastidial glycolysis in developing *Arabidopsis* embryos. *New Phytologisty*, v. 185, p. 649-662, 2010.

ARANJUELO, I.; MOLERO, G.; ERICE, G.; AVICE, J. C.; NOGUÉS, S. Plant physiology and proteomics reveals the leaf response to drought in alfalfa (*Medicago sativa* L.). *Journal of Experimental Botany*, v. 62, n. 1, p. 111-123, 2010.

ARAÚJO, J. M. *Química de Alimentos: Teoria e Prática*. 4. Ed. Viçosa: Editora UFV, 477 p., 2008.

BARBOSA, E. B.; VIDOTTO, A.; POLACHINI, G. P.; HENRIQUE, T.; MARQUI, A. B. T.; TAJARA, E. H. Proteômica: metodologias e aplicações no estudo de doenças humanas. *Revista Associação Médica Brasileira*, v. 58, n. 3, p. 366-375, 2012.

BARBOSA, M. R.; ZAPPI, D.; TAYLOR, C.; CABRAL, E.; JARDIM, J. G.; PEREIRA, M. S.; CALIÓ, M. F.; PESSOA, M. C. R.; SALAS, R.; SOUZA, E. B.; DiMAIO, F. R.; MACIAS, L.; ANUNCIAÇÃO, E. A.; GERMANO FILHO, P.; OLIVEIRA, J. A.; BRUNIERA, C.P. Rubiaceae. *In: Lista de espécies da flora do Brasil*. Jardim Botânico do Rio de Janeiro. Disponível em <<http://floradobrasil.jbrj.gov.br/jabot/floradobrasil/FB210>>. Acesso em: 14 Abr. 2015.

BARNA, B.; SMIGOCKI, A. C.; BAKER, J. C. Transgenic production of cytokinin suppresses bacterially induced hypersensitive response symptoms and increases antioxidative enzyme levels in *Nicotiana* spp, *Phytopathology*, v. 98, p. 1242–1247, 2008.

BARREIRO, E. A. Importância da síntese de fármacos na produção de medicamentos. *Química Nova*, v. 14, p. 178-188, 1991.

BARTON, K. E.; KORICHEVA, J. The ontogeny of plant defense and herbivory: characterizing general patterns using meta-analysis. *American Naturalist*, v. 175, p. 481–493, 2010.

BATALIA, M. A.; MONZING, A. F.; ERNS, S.; ROBERTS, W.; ROBERTUS, J. D. The crystal structure of the antifungal protein zeamatin, a member of the thaumatin-like, PR-5 protein family. *Nat Struct Biol*, v. 3, p. 19–22, 1996.

BAZE, A.; CORDEIRO, A. C.; BUENO, C. R.; PALÁCIO, C. A. S.; FERREIRA, C. A. C.; CRUZ, F. Reserva Ambiental da Cachoeira da Onça. Manaus: Fundação Rede Amazônica / Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia, 2003.

BERNHARD, M.; FASSHUBER, H.; ROBIEN, W.; BRECKER, L.; GREGER, H. Dopamine-iridoid alkaloids in *Carapichea affinis* (*Psychotria borucana*) confirm close relationship to the vomiting root Ipecac. *Biochemical Systematics and Ecology*, v. 39, p. 232-235, 2011.

BIAN, F.; ZHENG, C.; QU, F.; GONG, X.; YOU, C. Proteomic analysis of somatic embryogenesis in *Cyclamen persicum* Mill. *Plant Mol Biol Rep*, v. 28, p. 22–31, 2010.

BIDART-BOUZAT, M. G.; KLIEBENSTEIN, D. J. Differential levels of insect herbivory in the field associated with genotypic variation in glucosinolates in *Arabidopsis thaliana*. *J. Chem. Ecol.* 34, 1026–1037, 2008.

BLOKHINA, O., VIROLAINEN, E., AND FAGERSTEDT, K. V. Antioxidants, oxidative damage and oxygen deprivation stress: a review. *Ann. Bot.*, v. 91, p. 179–194, 2003.

BOTH, F.L. Avaliação do perfil farmacológico de psiclatina isolada de *Psychotria umbellata* (Rubiaceae). Porto Alegre, UFRGS, 2005.133f. Tese (Doutorado) – Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas, Universidade Federal do Rio Grande do Sul, 2005.

BOUSTANI, A.; FATEHI, F.; AZIZINEZHAD, R. The proteome response of “*Hordeum marinum*” to long-term salinity stress. *Cereal Research Communications*, v. 45, n. 3, p.401-410, 2017.

BREUSEGEM, F.V.; VRANOVÁ, E.; DAT, J. F.; INZE, D. The role of active oxygen species in plant signal transduction. *Plant Science*, v. 161, p. 405-414, 2001.

CAI, G.; WANG, G.; WANG, L.; PAN, J.; LIU, Y.; LI, D. ZmMKK1, a novel group A mitogen-activated protein kinase kinase gene in maize, conferred chilling stress tolerance and was involved in pathogen defense in transgenic tobacco. *Plant Science*, v. 214, p. 57–73, 2014.

CANBACK, B.; ANDERSSON, S. G. E.; KURLAND, C. G. The global phylogeny of glycolytic enzymes. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, v. 99, p. 6097–6102, 2002.

CARDOSO, C.L.; SILVA, D.H.S.; YOUNG, M.C.M.; CASTRO-GAMBOA, I.; BOLZANI, V.S. Indole monoterpene alkaloids from *Chimarrhis turbinata* DC. Prodr.: a contribution to the chemotaxonomic studies of the Rubiaceae family. *Brazilian Journal of Pharmacognosy*, v.18, n.1, p.26-29, 2008.

CARPER, S. W.; DUFFY, J. J.; GERNER, E. W. Heat shock proteins in thermotolerance and other cellular processes. *Cancer Res.*, v. 47, p. 5249–5255, 1987.

CAVALCANTE, P. B. Frutas comestíveis da Amazônia. 6ª Ed., Belem, PA: Museu Paraense Emilio Goeldi, 1996.

CAVALLARI, M. M. Variabilidade genética e química entre e dentro de populações de *Casearia sylvestris* Sw. (Salicaceae) no Estado de São Paulo. Tese (doutorado) – Universidade Estadual Paulista, Instituto de Biociências de Botucatu/SP, 2008. 128f.

CESCO, S., MIMMO, T., TONON, G., TOMASI, N., PINTON, R., TERZANO, R., et al. Plant-borne flavonoids released into the rhizosphere: impact on soil bioactivities related to plant nutrition. A review. *Biol. Fertil. Soils*, v. 48, p. 123–149, 2012.

CHANG, I. F.; CURRAN, A.; WOOLSEY, R.; QUILICI, D.; CUSHMAN, J. C.; MITTLER, R.; HARMON, A.; HARPER, J. F. Proteomic profiling of tandem affinity purified 14-3-3 protein complexes in *Arabidopsis thaliana*. *Proteomics*, v. 9, p. 2967–2985, 2009.

CHARLET, S.; GILLET, F.; VILLARREAL, M. L.; BARBOTIN, J. N.; FLINIAUX M. A.; NAVA-SUCEDO, E. Immobilisation of *Solanum chrysotrichum* plant cells with Ca-alginate gel beads to produce an antimycotic spirostanol saponin. *Plant Physiology Biochemistry*, v. 38, p. 875-870, 2000.

CHOUDHURY, K. D., CHOUDHURY, M. D., BARUAH, M. Antibacterial activity of some plants belonging to the family Rubiaceae: a review. *WJPPS*, v. 1, p. 1179–1194, 2012.

CLAROS, M. G.; BAUTISTA, R.; GUERRERO-FERNANDEZ, D.; BENZERKI, H.; SEOANE, P.; FERNANDEZ-POZO, N. Why assembling plant genome sequences is so challenging. *Biology*, v. 1, p. 439–459, 2012.

CONDORI, J.; SIVAKUMAR, G.; HUBSTENBERGERM J.; DOLAN, M. C.; SOBOLEV, V. S.; MEDINA-BOLIVAR, F. Induced biosynthesis of resveratrol and the prenylated stilbenoids arachidin-1 and arachidin-3 in hairy root cultures of peanut: Effects of culture medium and growth stage. *Plant Physiology and Biochemistry*, v. 48, p. 310-318, 2010.

CONSONNI, C.; BEDNAREK, P.; HUMPHRY, M.; FRANCOCCI, F.; FERRARI, S.; HARZEN, A.; VAN THEMAAT, E. V. L.; PANSTRUGA, R. Tryptophan-derived metabolites are required for antifungal defense in the *Arabidopsis mlo2* mutant. *Plant Physiol.*, v. 152, p. 1544–1561, 2010.

CORDELL, G. A.; QUINN-BEATTIE, M. L.; FARNSWORTH, N. R. The potential of alkaloids in drug discovery. *Phytotherapy Research*, v. 15, p. 183-205, 2001.

CROTEAU, R.; KETCHUM, R. E.; LONG, R. M.; KASPERA, R.; WILDUNG, M. R. Taxol biosynthesis and molecular genetics. *Phytochem Rev.*, v. 5, p. 75–97, 2006.

CROTEAU, R.; KUTCHAN, T. M.; LEWIS, N. G. Natural Products (Secondary Metabolites). In: BUCHANAN, B.; GRUISSEM, W.; JONES R. (Eds.) *Biochemistry & Molecular Biology of Plants*, Rockville: American Society of Plant Physiologists, p.1250-1318, 2000,

DABROWSKA, G.; KATA, A.; GOC, A.; SZECHYŃSKA-HEBDA, M.; SKRZYPEK, E. Characteristics of the plant ascorbate peroxidase family. *Acta Biologica Cracoviensia*, v. 49, n. 1, p. 7-17, 2007.

DALL'ANTONIA, Y.; PAVKOV, T.; FUCHS, H.; BREITENEDER, H.; KELLER, W. Crystallization and preliminary structure determination of the plant food allergen Pru av 2. *Acta Crystallogr Sect F-Structural Biol Cryst Commun*, v. 61, p. 186–188, 2005.

DAM, S.; LAURSEN, B. S.; ØRNFELT, J. H.; JOCHIMSEN, B.; STÆRFELDT, H. H.; FRIIS, C.; NIELSEN, K.; GOFFARD, N.; BESENBACHER, S.; KRUSELL, L.; SATO, S.; TABATA, S.; THØGERSEN, I. B.; ENGHILD, J. J.; STOUGAARD, J. The proteome of seed development in the model legume *Lotus japonicus*. *Plant Physiology*, v. 149, n. 3, p. 1325-1340, 2009.

DANIEL, S.; TIEMANN, K.; WITTKAMPF, U.; BLESS, W.; HINDERER, W.; BARZ, W. Elicitor-induced metabolic changes in cell cultures of chickpea (*Cicer arietinum* L.) cultivars resistant and susceptible to *Ascochyta rabiei*. *Planta*, v. 182, p. 270–278, 1990.

De CAROLIS, E.; CHAN, F.; BALSEVICH, J.; De LUCA, V. Isolation and characterization of a 2-oxoglutarate dependent dioxygenase involved in the second-to-last step in vindoline biosynthesis. *Plant Physiol*, v. 94, p. 1323–1329, 1990.

DELPRETE P. G. Rubiaceae. In: SMITH, N. P.; HEALD, S. HENDERSON, V.; A.; MORI, S. A.; STEVENSON, D. W. [eds.], *Flowering plant families of the American tropics*, 328–333. New York Botanical Garden Press, Bronx, New York, USA/Princeton University Press, Princeton, New Jersey, USA, 2004.

DELPRETE, P. G.; JARDIM, L. G. Systematics, taxonomy and floristics of Brazilian Rubiaceae: an overview about the current status and future challenges. *Rodriguésia*, v. 63, n.1, p. 101-128, 2012.

DENISON, F. C.; PAUL, A. L.; ZUPANSKA, A. K.; FERL, R. J. 14-3-3 proteins in plant physiology. *Semin. Cell Dev. Biol.*, v. 22, p. 720–727, 2011.

DeROCHER, A.; VIERLING, E. Cytoplasmic HSP70 homologues of pea: differential expression in vegetative and embryonic organs. *Plant Mol Biol*, v. 27, p. 441–456, 1995.



DESCHAMPS, C. Propagação vegetativa in vitro de Sarandi (*Sebastiania schottiana* MUELL. ARG.), espécie florestal de mata ciliar. Dissertação (Mestrado em Agronomia) - Escola Superior de Agricultura de Lavras, Lavras.1993. 128p.

DEVOTO, A.; CLARK, A. J.; NUSS, L.; CERVONE, F.; DELORENZO, G. Developmental and pathogen-induced accumulation of transcripts of polygalacturonaseinhibiting protein in *Phaseolus vulgaris* L. *Planta*, v. 202, n. 3, p. 284–292, 1997.

DEWICK, P. M. Secondary metabolism: the building blocks and construction mechanisms. In: \_\_\_\_\_. *Medicinal natural products: a biosynthetic approach*. New York: John Wiley and Sons, cap. 2, p. 5-31, 1997.

Di BACCIO, D.; NAVARI-IZZO, F.; IZZO, R. Seawater irrigation: antioxidant defence responses in leaves and roots of a sunflower (*Helianthus annuus* L.) ecotype. *J. Plant Physiol.* v. 161, p. 1359–1366, 2004.

DILLARD, C. J.; BRUCE GERMAN, J. Phytochemicals: Nutraceuticals and human health. *Journal of the Science of Food and Agriculture*, v.80, n. 12, p. 1744-1756, 2000.

DOMŻALSKA, L.; KĘDRACKA-KROK, S.; JANKOWSK, U.; GRZYB, M.; SOBCZAK, M.; RYBCZYŃSKI, J. J.; MIKUŁA, A. Proteomic analysis of stipe explants reveals differentially expressed proteins involved in early direct somatic embryogenesis of the tree fern *Cyathea delgadii* Sternb. *Plant Science*, v. 258, p. 61-76, 2017.

DUBEY, R. S. Metal toxicity, oxidative stress and antioxidative defense system in plants. In: GUPTA, S.D. *Reactive oxygen species and antioxidants in higher plants*. Enfield: Science Publishers, chap. 9, p.178-203, 2011.

DUCK, N. B.; FOLK, W. R. Hsp70 heat shock protein cognate is expressed and stored in developing tomato pollen. *Plant Molecular Biology*, v. 26, p. 1031–1039, 1994.

DURESSA, D.; SOLIMAN, K.; CHEN, D. Identification of Aluminum Responsive Genes in Al-Tolerant Soybean Line PI 416937. *International Journal of Plant Genomics*, 13 p., 2010.

EBBELS, T. M. D.; CAVILL, R. Bioinformatic methods in NMR-based metabolic profiling. *Prog Nucl Magn Reson Spectrosc*, v. 55, p. 361-374, 2009.

EBRAHIN, S.; SINGH, K. U. Pathogenesis related (PR) proteins in plant defense mechanism. In: MÉNDEZVILAS, A. (Ed.) *Science against microbial pathogens: advances*. Extremadura: Formatex Research Center, v. 1, p. 1043-1054, 2011.

EDWARDS, T. A.; PYLE, S. E.; WHARTON, R. P.; AGGARWAL, A. K. Structure of Pumilio reveals similarity between RNA and peptide binding motifs. *Cell*, v. 105, p. 281-289, 2001.

ERAVCI, M. FUXIUS, S.; BROEDEL, O.; WEIST, S.; ERAVCI, S.; MANSMANN, U.; SCHLUTER, H.; TIEMANN, J.; BAUMGARTNER A. Improved comparative proteome analysis based on two-dimensional gel electrophoresis. *Proteomics*, v. 7, n. 4, p. 513-523, 2007.

FAGHANI, E.; GHARECHAHI, J.; KOMATSU, S.; MIRZAEI, M.; KHAVARINEJAD, R. A.; NAJAFI, F.; SALEKDEH, G. H. Comparative physiology and proteomic analysis of two wheat genotypes contrasting in drought tolerance. *Journal of proteomics*, v. 114, p. 1-15, 2015.

FATEHI, F.; HOSSEINZADEH, A.; ALIZADEH, H.; BRIMAVANDI, T.; STRUIK, P. C. The proteome response of salt-resistant and salt-sensitive barley genotypes to long-term salinity stress. *Molecular Biology Reports*, v. 39, n. 5, p. 6387-6397, 2012.

FERRARI, S.; PLOTNIKOVA, J. M.; DE LORENZO, G.; AUSUBEL, F. M. *Arabidopsis* local resistance to *Botrytis cinerea* involves salicylic acid and camalexin and requires EDS4 and PAD2, but not SID2, EDS5 or PAD4. *Plant J.*, v. 35, p. 193–205, 2003.

FERREYRA, M. L. F., RIUS, S. P., AND CASATI, P. Flavonoids: biosynthesis, biological functions, and biotechnological applications. *Front. Plant Sci.*, v. 3, p. 222, 2012.

FILHO, D. W.; SILVA, E. L.; BOVERIS, A. Flavonóides antioxidantes de plantas medicinais e alimentos: importância e perspectivas terapêuticas. In: YUNES, R. A. E CALIXTO, J. B. *Plantas Mediciniais: sob a ótica da química medicinal moderna*. Chapecó: Agros, p. 317-334, 2001.

FLOR, H. H. Current status of the gene-for-gene concept. *Annu Rev Phytopathol*, v. 9, p. 275-296, 1971.

FRIML, J.; JONES, A. R. Endoplasmic reticulum: the rising compartment in auxin biology. *Plant Physiol.*, v. 154, p. 458–462, 2010.

FUENTEALBA, C.; HERNÁNDEZ, I.; SAA, S.; TOLEDO, L.; BURDILES, P.; CHIRINOS, R.; CAMPOS, D.; BROWN, P.; PEDRESCHI, R. Colour and *in vitro* quality attributes of walnuts from different growing conditions correlate with key precursors of primary and secondary metabolism. *Food Chemistry*, v. 232, p. 664-672, 2017.

GALLEGO, S. M.; PENA, L. B.; BARCIA, R. A.; AZPILICUETA, C. E.; IANNONE, M. F.; ROSALES, E. P.; ZAWOZNIK, M. S.; GROPPA, M. D.; BENAVIDES, M. P. Unravelling cadmium toxicity and tolerance in plants: insight into regulatory mechanisms. *Environ. Exp. Bot.* v. 83, p. 33–46, 2012.

GAZDA, V.E. Abordagem química e estudo da atividade biológica das raízes de *Chiococca alba*(L.) Hitchc. (Rubiaceae).Rio de Janeiro,UFRJ, 2004.141f. Dissertação (Mestrado) – Programa de Pós-Graduação em Ciências Farmacêuticas, Universidade Federal do Rio de Janeiro, Rio de Janeiro, 2004.

GEORGIEV, M. I.; PAVLOV, A. I.; BLEY, T. Hairy root type plant in vitro systems as sources of bioactive substances. Applied Microbiology and Biotechnology, [S. l.], v. 74, p. 1175-1185, 2007.

GHAFFARI, M.; TOORCHI, M.; VALIZADEH, M.; SHAKIBA, M. Proteomic prospects for tolerance of sunflower (*Helianthus annuus*) to drought stress during the flowering stage. Crop and Pasture Science, v. 68, n. 5, p. 457-465, 2017.

GHOSH, R.; CHAKRABARTI, C. Crystal structure analysis of NP24-I: a thaumatin-like protein. Planta, v. 228, p. 883–890, 2008.

GILL, S. S.; TUTEJA, N. Reactive oxygen species and antioxidant machinery in abiotic stress tolerance in crop plants.Plant Physiology Biochemistry, v. 48, p. 909–930, 2010.

GLENN, W.; STONE, S. E.; HO, S. H.; SWEREDOSKI, M. J.; MORADIAN, A.; HESS, S.; TIRRELL, D. A. BONCAT enables time-resolved analysis of protein synthesis in native plant tissue. Plant physiology, pp-01762, 2017.

GOBBO-NETO, L.; LOPES, N.P. Plantas Medicinais: fatores de influência no conteúdo de metabólitos secundários. Química Nova, v. 30, n.2, p.374-381, 2007.

GODOVAC-ZIMMERMANN, J.; BROWN, L. R. Perspectives for mass spectrometry and functional proteomics. Mass Spectrometry Reviews, v. 20, p. 1-57, 2001.

GOMEZ-GOMEZ, L.; BOLLER, T. Flagellin perception: a paradigm for innate immunity. Trends Plant Science, v. 6, p. 251-256, 2002.

GÓMEZ-VIDAL, S.; TENA, M.; LOPEZ-LLORCA, L. V. ; SALINAS, J. Protein extraction from *Phoenix dactylifera* L. leaves, a recalcitrant material, for two-dimensional electrophoresis. Electrophoresis, v. 29, n. 2, p. 448-456, 2008.

GÖRG, A.; WEISS, W.; DUNN, M. J. Current two-dimensional electrophoresis technology for proteomics.Proteomics, v. 4, n. 12, p. 3665-3685, 2004.

GREENBERG, J. T.; VINATZER, B. A. Identifying type III effectors of plant pathogens and analyzing their interaction with plant cells.Curr Opin Microbiol, v. 6, p. 20-28, 2003.

GREENE, S. L. Novel Psychoactive Substances. Academic Press: Boston, 2013; p. 363-381.

GUAN, Z.; XUE, D.; ABDALLAH, I. I.; DIJKSHOORN, L.; SETROIKROMO, R.; GUIYUAN L, et al. Metabolic engineering of *Bacillus subtilis* for terpenoid production. *Applied Microbiology and Biotechnology*, v. 99, p. 9395–9406, 2015.

GUERRA, M. P.; NODARI, R. O. Introdução ao conceito de Biotecnologia, Apostila de biotecnologia-CCA/UFSC- (Edição da Steinmacher), p.35, 2006.

GUIRIMAND, G.; GUIHUR, A.; POUTRAIN, P.; HÉRICOURT, F.; MAHROUG, S.; ST-PIERRE, B.; BURLAT, V.; COURDAVAULT, V. Spatial organization of the vindoline biosynthetic pathway in *Catharanthus roseus*. *Journal of Plant Physiology*, v. 168, n. 6, p. 549–557, 2011.

GUO, J., Han, W.; WANG, M. H. Ultraviolet and environmental stresses involved in the induction and regulation of anthocyanin biosynthesis: a review. *Afr. J. Biotechnol.*, v. 7, p. 4966–4972, 2008.

HANNA, S. L.; SHERMAN, N. E.; KINTER, M. T.; GOLDBERG, J. B. Comparison of proteins expressed by *Pseudomonas aeruginosa* strain representing initial and chronic isolates from a cystic fibrosis patient: an analysis by 2-D gel electrophoreses and capillary column liquid chromatography-tandem mass spectrometry. *Microbiology*, v. 146, p. 2495-2508, 2000.

HARBORNE, J. B. Classes and functions of secondary products. In: WALTON, N. J.; BROWN, D. E. (Ed.). *Chemicals from plants, perspectives on secondary plant products*. London: Imperial College, p. 1-25, 1999.

HARTMANN, T. Alkaloids. In *herbivores: Their interactions with secondary plant metabolites*, v. 1: The chemical participants, 2nd ed. ROSENTHAL, G. A.; BEREBAUM, M. R. eds, Academic Press, San Diego, CA, pp. 79-121, 1992.

HEITZMAN, M. E .; NETO, C.; WINIARZ, E.; VAISBERG, A. J . *Ethnobotany, Phytochemistry and Pharmacology of Uncaria (Rubiaceae)*. **Phytochemistry**, v. 66, n. 1, p. 5-29, 2005.

HERINGER, A. S.; BARROSO, T.; MACEDO, A. F.; SANTA-CATARINA, C.; SOUZA, G. H. M. F.; FLOH, E. I. S.; SOUZA-FILHO, G. A.; SILVEIRA, V. Label-Free Quantitative Proteomics of Embryogenic and Non-Embryogenic Callus during Sugarcane Somatic Embryogenesis. *PLoS ONE*, v. 10, n. 6, 2015.

HENRIQUES, A.T.; LIMBERGER, R.P.; KERBER, V.A.; MORENO, P.R.H. Alcaloides: generalidades e aspectos básicos. In: SIMÕES, C. M. O.; SCHENKEL, E. P.; GOSMANN, G.; MELLO, J. C. P.; MENTZ, L. A.; PETROVICK, P. R. (Orgs.) *Farmacognosia da planta ao medicamento*. 6ª ed. Florianópolis: UFRGS/UFSC, 2010.

HIREL B.; LEA P. J. The biochemistry, molecular biology, and genetic manipulation of primary ammonia assimilation. In *Photosynthetic Nitrogen Assimilation and Associated Carbon and Respiratory Metabolism, Advances in Photosynthesis* (eds FOYER, C. H. e NOCTOR, G.) v. 12, p. 71–92. Kluwer Academic Press, Dordrecht, the Netherlands, 2002.

HODGES M. Enzyme redundancy and the importance of 2-oxoglutarate in plant ammonium assimilation. *Journal of Experimental Botany*, v. 53, p. 905–916, 2002.

HODGES M.; FLESCH V.; GÁLVEZ S.; BISMUTH E. Higher plant NADP<sup>+</sup>-dependent isocitrate dehydrogenases, ammonium assimilation and NADPH production. *Plant Physiology and Biochemistry*, v. 41, p. 577–585, 2003.

HOLESKI, L. M.; JANDER, G.; AGRAWAL, A. A. Transgenerational defense induction and epigenetic inheritance in plants. *Trends in Ecology & Evolution*, v. 27, p. 618–626. 2012.

HOLLMAN, P. C. H.; KATAN, M. B. Dietary Flavonoids: Intake, Health Effects and Bioavailability. *Food and Chemical Toxicology*, v. 37, n. 9–10, p. 937-942, 1999.

HUANG, S. J.; CHANG, C. L.; WANG, P. H.; TSAI, M. C.; HSU, P. H.; CHANG, I. F. A type III ACC synthase, ACS7, is involved in root gravitropism in *Arabidopsis thaliana*. *Journal Exp. Bot.*, v. 64, p. 4343–4360, 2013.

HUH, S. U.; PAEK, K. H. APUM5, encoding a Pumilio RNA binding protein, negatively regulates abiotic stress responsive gene expression. *BMC Plant Biology*, v. 14, n. 75, p. 1-17, 2014.

IANNONE, M. F.; ROSALES; E. P.; GROPPA, M. D.; BENAVIDES, M. P. Reactive oxygen species formation and cell death in catalase-deficient tobacco leaf discs exposed to paraquat. *Biol. Trace Elem. Res.* v. 146, p. 246–255, 2012.

IMS HEALTH. Empresa Especialista em Coletar e Analisar Dados do Setor Farmacêutico Com Presença Em Mais De 100 Países, 2015. Acessado em 20 jan, 2018 de [http://www.imshealth.com.br/pt\\_br](http://www.imshealth.com.br/pt_br)

JELLOULI, N.; JOUIRA, H. B.; DALDOUL, S.; CHENENNAOUI, S.; GHORBEL, A.; SALEM, A. B. Proteomic and Transcriptomic Analysis of Grapevine PR10 Expression During Salt Stress and Functional Characterization in Yeast. *Plant Mol Biol Rep*, v. 28, p. 1–8, 2010.

JEONG, G. T.; PARK, D. H. Enhanced secondary metabolite biosynthesis by elicitation in transformed plant root system: effect of abiotic elicitors. *Applied Biochemistry and Biotechnology*, [S. l.], p. 436-446, 2006.

JIANG, G.; WANG, Z.; SHANG, H.; YANG, W.; HU, Z.; PHILLIPS, J.; DENG, X. Proteome analysis of leaves from the resurrection plant *Boea hygrometrica*

in response to dehydration and rehydration. *Planta*, v. 225, n. 6, p. 1405-1420, 2007.

JORRÍN, J. V.; MALDONADO, A. M.; CASTILLEJO, M. A. Plant proteome analysis: a 2006 update. *Proteomics*, v. 7, n. 16, p. 2947-2962, 2007.

KHAN, M. T. H.; ATHER, A.; THOMPSON, K. D. .; GAMBARI, R. Extracts and molecules from medicinal plants against herpes simplex viruses. *Antiviral Research*, v. 67, n. 2, p. 107-119, 2005.

KIM, S. T.; CHO, K. S.; KIM, S. G.; KANG, S. Y.; KANG, K. Y. A rice isoflavone reductase-like gene, OsIRL, is induced by rice blast fungal elicitor. *Mol Cells*, v. 16, p. 224–231, 2003a.

KIM, S. T.; CHO, K. S.; YU, S.; KIM, S. G.; HONG, J. C.; HAN, C. D.; BAE, D. W.; NAM, M. H.; KANG, K. Y. Proteomic analysis of differentially expressed proteins induced by rice blast fungus and elicitor in suspension-cultured rice cells. *Proteomics*, v. 3, p. 2368–2378, 2003b.

KLIEBENSTEIN, D. J. Secondary metabolites and plant/environment interactions: a view through *Arabidopsis thaliana* tinted glasses. *Plant Cell Environ.*, v. 27, p. 675–684, 2004.

KLIEBENSTEIN, D. J.; ROWE, H. C.; DENBY, K. J. Secondary metabolites influence *Arabidopsis/Botrytis* interactions: variation in host production and pathogen sensitivity. *Plant J.*, v. 44, p. 25–36, 2005.

KOIWA, H.; KATO, H.; NAKATSU, T.; ODA, J.; YAMADA, Y.; SATO, F. Purification and Characterization of Tobacco Pathogenesis-Related Protein PR-5d, an Antifungal Thaumatin-like Protein. *Plant Cell Physiol*, v. 38, p. 783–791, 1997.

KOMALAVALLI, N.; RAO, M. V. In vitro micropropagation of *Gymnema sylvestre* - A multipurpose medicinal plant. *Plant Cell, Tissue and Organ Culture*, v.61, n.2, p.97- 105, 2000.

KORTE, A. R.; LEE, Y. J. MALDI-MS analysis and imaging of small molecule metabolites with 1,5-diaminonaphthalene (DAN). *J Mass Spectrom*, v. 49, p. 737–741, 2014.

KOSOVÁ, K.; VÍTÁMVÁS, P.; PLANCHON, S.; RENAUT, J.; VANKOVÁ, R.; PRÁŠIL, I. T. Proteome analysis of cold response in spring and winter wheat (*Triticum aestivum*) crowns reveals similarities in stress adaptation and differences in regulatory processes between the growth habits. *Journal of proteome research*, v. 12, n. 11, p. 4830-4845, 2013.

KOPEC, J.; SMOLE, U.; PAVKOV, T.; BREITENEDER, H.; KELLER, W. High resolution structure of Mal d 2, the thaumatin like food allergen from apple. Não publicado, 2012. Disponível em: <http://www.rcsb.org/pdb/explore/explore.do?structureId53ZS3>. Acessado em 13 de outubro de 2016.

KRUSE, A.; FIEUW, S.; HEINEKE D.; MÜLLER-RÖBER, B. Antisense inhibition of cytosolic NADP-dependent isocitrate dehydrogenase in transgenic potato plants. *Planta*, v. 205, p. 82–91, 1998.

KUTA, D. D.; TRIPATHI, L. *Agrobacterium*-induced hypersensitive necrotic reaction in plant cells: a resistance response against *Agrobacterium*-mediated DNA transfer, *Afr. J. Biotechnology*, v. 4, p. 752–757, 2005.

LATIJNHOUWERS, M.; XU, X. M.; MOLLER, S. G. *Arabidopsis* stromal 70-kDa heat shock proteins are essential for chloroplast development. *Planta*, v. 232.p. 567–578, 2010.

LAURENCE, V. O.; DEVREESE, B. A review on recent developments in mass spectrometry instrumentation and quantitative tools advancing bacterial proteomics. *Appl. Microbiol. Biotechnol.*, v. 97, p. 4749–4762, 2013.

LEE, H.; GUO, Y.; OHTA, M.; XIONG, L. M.; STEVENSON, B.; ZHU, J. K. LOS2, a genetic locus required for cold-responsive gene transcription encodes a bi-functional enolase. *EMBO Journal*, v. 21, p. 2692–2702, 2002.

LEITE, J. P. V. *Fitoterapia: bases científicas e tecnológicas*. 1.Ed. São Paulo: Atheneu, 344p., 2008.

LEONE, P.; MENU-BOUAOUICHE, L.; PEUMANS, W. J.; PAYAN, F.; BARRE, A.; ROUSSEL, A.; VAN DAMME, E. J. M.; ROUGÉ, P. Resolution of the structure of the allergenic and antifungal banana fruit thaumatin-like protein at 1.7-Å. *Biochimie*, v. 88, p. 45–52, 2006.

LI, Q. B.; GUY, C. L. Evidence for non-circadian light/dark-regulated expression of Hsp70s in spinach leaves. *Plant Physiol*, v. 125, p. 1633–1642, 2001.

LI, R., XIE, W., WANG, S., WU, Q., YANG, N., YANG, X.; PAN, H.; ZHOU, X.; BAI, L.; XU, B.; ZHOU, X. Reference gene selection for qRT-PCR analysis in the sweetpotato whitefly, *Bemisia tabaci* (Hemiptera: Aleyrodidae). *PLoS one*, v. 8, n. 1, e53006, 2013.

LIMA, C. S. M. et al. Influência de fitorreguladores no crescimento in vitro de partes aérea de *Mentha viridis*. *Revista Brasileira de Biociências*, v. 5, supl. 2, p. 669-671, 2007.

LIPPERT, D.; ZHUANG, J.; RALPH, S.; ELLIS, D. E.; GILBERT, M.; OLAFSON, R.; RITLAND, K.; ELLIS, B.; DOUGLAS, C. J.; BOHLMANN, J. Proteome analysis of early somatic embryogenesis in *Picea glauca*. *Proteomics*, v. 5, p. 461–473, 2005.

LIU, R.; HU, Y.; LI, J.; LIN, Z. Production of soybean isoflavone genistein in non-legume plants via genetically modified secondary metabolism pathway. *Metabolic Engineering*, v. 9, p. 1-7, 2007.

LOCATO, V.; PINTO, M. C.; PARADISO, A.; De GARA, L. Reactive oxygen species and ascorbate-glutathione interplay in signaling and stress responses. In: GUPTA, S.D. Reactive oxygen species and antioxidants in higher plants. Enfi eld: Science Publishers, p. 45-64, 2010.

LOPEZ, A.; HUDSON, J. B.; TOWERS, G. H. N. Antiviral and antimicrobial activities of Colombian medicinal plants. *Journal of Ethnopharmacology*, v. 77, n. 2–3, p. 189-196, 2001.

LORENCE, A.; NESSLER, E. Molecules of interest. Camptothecin over four decades of surprising findings. *Phytochemistry*, v. 65, p. 2735-49, 2004.

LUCA, V.; PIERRE, B. S. The cell and developmental biology of alkaloid biosynthesis. *Trends in Plant Science*, v. 5, p. 168-73, 2000.

MAJOUL, T.; BANCEL, E.; TRIBOÏ, E.; BEN HAMIDA, J.; BRANLARD, G. Proteomic analysis of the effect of heat stress on hexaploid wheat grain: characterization of heat-responsive proteins from non-prolamins fraction. *Proteomics*, v. 4, n. 2, p. 505-513, 2004.

MALDONADO, A. M.; ECHEVARRÍA-ZOMEÑO, S.; JEAN-BAPTISTE, S.; HERNÁNDEZ, M.; JORRÍN-NOVO, J. V. Evaluation of three different protocols of protein extraction for *Arabidopsis thaliana* leaf proteome analysis by two-dimensional electrophoresis. *Journal of Proteomics*, v. 71, n. 4, p. 461-472, 2008.

MAO, W.; RUPASINGHE, S. G.; JOHNSON, R. M.; ZANGERL, A. R.; SCHULER, M. A.; BERENBAUM, M. R. Enzimas CYP6AS metabolizando quercetina do polinizador *Apis mellifera* (Hymenoptera: Apidae). *Comp Biochem Physiol Part Biochem Mol Biol*, v. 154, n. 4, p. 427-434, 2009.

MARRI, L.; THIEULIN-PARDO, G.; LEBRUN, R.; PUPPO, R.; ZAFFAGNINI, M.; TROST, P.; SPARLA, F. CP12-mediated protection of Calvin–Benson cycle enzymes from oxidative stress. *Biochimie*, v. 97, p. 228-237, 2014.

MARTINS, D. Estudo químico e biológico de *Duroia macrophylla* Huber (Rubiaceae). Tese de doutorado. Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia –INPA / Manaus AM, 2014. 252 p.

MARTINS D.; CARRION, L. L.; RAMOS, D. F.; SALOMÉ, K. S.; SILVA, P. E. A.; BARISON, A.; NUNEZ, C. V. Triterpenes and the Antimycobacterial Activity of *Duroia macrophylla* Huber (Rubiaceae). *BioMed Research International*, 2013.

MARTINS, D.; NUNEZ, C. V. Secondary metabolites from Rubiaceae Species. *Molecules*, v. 20, n.7, p. 13422-13495, 2015.

MEKKY, H.; AL-SABAHI, J.; ABDEL-KREEM, M. F. M. Potentiating biosynthesis of the anticancer alkaloids vincristine and vinblastine in callus



cultures of *Catharanthus roseus*. South African Journal of Botany, v. 114, p. 29-31, 2018.

MENDONÇA, A. C. A. M.; SILVA, M. A. P.; ANDRADE, A. O.; ALENCAR, S. R.; MACHADO, M. E. Prospecção Fitoquímica de *Psychotria Colorata* (Willd. Ex. R. & S.) Müll. Arg. E P. *Hoffmannseggiana* (R. & S.) Müll. Arg. Caderno de Cultura e Ciência, Ano IX, v. 13, n. 2, 2015.

MESQUITA, D. W. O.; MESQUITA, A. S. S.; CURSINO, L. M. C.; SOUZA, E. S.; OLIVEIRA, A. C.; PINHEIRO, C. C. S.; NOVAES, J. A. P.; OLIVEIRA, J. A. A.; NUNEZ, C. V. Atividades biológicas de espécies amazônicas de Rubiaceae. Rev. bras. plantas med., v.17, n.4, 2015.

MIN, K.; HÁ, S. C.; HASEGAWA, P. M.; BRESSAN, R. A.; YUN, D. J.; KIM, K. K. Crystal structure of osmotin, a plant antifungal protein. Proteins Struct Funct Bioinforma, v. 54, p. 170–173, 2004.

MISHRA, B. N.; RANJAN, R. Growth of hairy-root cultures in various bioreactors for the production of secondary metabolites. Biotechnol. Appl. Biochem., v. 49, p. 1–10, 2008.

MITTLER, R.; VANDERAUWERA, S.; GOLLERY, M.; VAN BREUSEGEM, F. Reactive oxygen gene network of plants. Trends Plant Science, v. 9, p. 490–498, 2004.

MITTOVA, V.; TAL, M.; VOLOKITA, M.; GUY, M. Up-regulation of the leaf mitochondrial and peroxisomal antioxidative systems in response to salt-induced oxidative stress in the wild salt-tolerant tomato species *Lycopersicon pennellii*. Plant, Cell & Environment, v. 26, n. 6, p. 845-856, 2003.

MOHAMMADI, P. P., MOIENI, A.; HIRAGA, S.; KOMATSU, S. Organ-specific proteomic analysis of drought-stressed soybean seedlings. Journal of proteomics, v. 75, n. 6, p. 1906-1923, 2012.

MONTEIRO, S.; PIÇARRA-PEREIRA, M. A.; TEIXEIRA, A. R.; LOUREIRO, V. B.; FERREIRA, R. B. Environmental Conditions during Vegetative Growth Determine the Major Proteins That Accumulate in Mature Grapes. J Agric Food Chem, v. 51, p. 4046–4053, 2003.

MORAES, C. S.; OLIVEIRA JUNIOR, F. O. R.; MASSON, G.; REBELLO, K. M.; SANTOS, L. O.; BASTOS, N. F. P.; FARIA, R. C. Série em Biologia celular e molecular: Métodos experimentais no estudo de proteínas. Rio de Janeiro, 2013. 84 p.

MORAES, T. M. S.; RABELO, G. R.; CAMILLA ALEXANDRINO, R.; SILVA NETO, S. J.; CUNHA, M. Comparative leaf anatomy and micromorphology of *Psychotria* species (Rubiaceae) from the Atlantic Rainforest. Acta Bot. Bras. V. 25 n.1, 2011.

MOREIRA, F. A. Perfil da alteração na produção de substâncias fenólicas e açúcares livres na interação entre *Tapirira guianensis* Aubl. (Anacardiaceae) parasitada por *Phoradendron crassifolium* (Pohl ex DC.) Eichler (Santalaceae). Dissertação de Mestrado. Instituto de Biociências, São Paulo. Universidade de São Paulo, 2015.

MURTHY, H. N.; LEE, EUN-J.; PAEK, KEE-Y. Production of secondary metabolites from cell and organ cultures: strategies and approaches for biomass improvement and metabolite accumulation. *Plant Cell Tiss Organ Cult*, v. 118, n. p. 1–16, 2014.

NAFISI, M., GOREGAOKER, S., BOTANGA, C. J., GLAWISCHNIG, E., OLSEN, C. E., HALKIER, B. A., GLASEBROOK, J. *Arabidopsis* cytochrome P450 monooxygenase 71A13 catalyzes the conversion of indole-3-acetaldoxime in camalexin synthesis. *Plant Cell*, v. 19, p. 2039–2052, 2007.

NASCIMENTO, J. M. *Duroia* L.f. (Gardenieae-Rubiaceae) na Amazônia brasileira. Dissertação de mestrado, Belém: UFRA, 2013.

NELSON, D. L.; COX, M. M. Princípios de bioquímica de Lehninger. 6ª ed. – Porto Alegre: Artmed, 2014. 1298 p.

NEWMAN, D. J.; CRAGG, G. M. Natural products as sources of new drugs over the last 25 years. *J Nat Prod.*, v. 70, n. 3, p. 461-477, 2007.

NEWMAN, D. J.; CRAGG, G. M. Natural products as sources of new drugs over the 30 years from 1981 to 2010. *J Nat Prod.*, v. 75, n. 3, p. 311-335, 2012.

NEWMAN, D. J.; CRAGG, G. M. Natural Products as Sources of New Drugs from 1981 to 2014. *J Nat Prod.*, v. 79, n. 3, p. 629-661, 2016.

NIMCHUK, Z.; EULGEM, T.; HOLT, B. F. III; DANGL, J. L.; Recognition and response in the plant immune system. *Annu Rev Genet*, v. 37, p. 579-609, 2003.

NUNEZ, C. V.; SANTOS, P. A.; ROUMY, V.; HENNEBELLE, T.; SAHPAZ, S.; MESQUITA, A. S. S.; BAILLEUL, F. Raunitidine isolated from *Duroia macrophylla* (Rubiaceae). *Planta Medica*, v. 75, n. 9, p. 1037–1037, 2009.

NUNEZ C. V, VASCONCELOS M. C. Novo Alcaloide Antitumoral de *Duroia macrophylla*. Patent: Innovation privilege, n. PI10201203380, Instituto Nacional da Propriedade Industrial, 2012.

NVEAWIAH-YOHO, P.; ZHOU, J.; PALMER, M.; SAUVE, R.; ZHOU, S.; HOWE, K. J.; THANNHAUSER, T. W. Identification of proteins for salt tolerance using a comparative proteomics analysis of tomato accessions with contrasting salt tolerance. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, v. 138, n. 5, p. 382-394, 2013.

OECKING, C.; JASPERT, N. Plant 14-3-3 proteins catch up with their mammalian orthologs. *Current Opinion in Plant Biology*, v. 12, p. 760–765, 2009.

OGATA, C. M.; GORDON, P. F.; VOS, A. M.; KIM, S. H. Crystal structure of a sweet tasting protein thaumatin I, at 1-65 Å resolution. *J Mol Biol*, v. 228, p. 893–908, 1992.

OLIVEIRA, P. L. Contribuição ao estudo de espécies da família Rubiaceae: Fitoquímica da espécie *Amaioua guianensis* Aubl. Dissertação de Mestrado, Instituto de Química, Universidade Federal de Goiás, Goiânia, 2009.

PACHL, F.; RUPRECHT, B.; LEMEER, S. KUSTER, B. Characterization of a high field orbitrap mass spectrometer for proteome analysis. *Proteomics*, v. 13, n. 17, p. 2552–2562, 2013.

PAIVA, N. L.; EDWARDS, R.; SUN, Y. J.; HRAZDINA, G.; DIXON, R. A. Stress responses in alfalfa (*Medicago sativa* L.) 11. Molecular cloning and expression of alfalfa isoflavone reductase, a key enzyme of isoflavonoid phytoalexin biosynthesis. *Plant Mol. Biol.*, v. 17, p. 653–667, 1991.

PAN, Q.; RIANIKA, N.; MUSTAFA TANG, K.; CHOI, Y. H.; VERPOORTE, R. Monoterpenoid indole alkaloids biosynthesis and its regulation in *Catharanthus roseus*: a literature review from genes to metabolites. *Phytochem. Rev.*, v. 15, 221–250, 2016.

PANDEY, S. P.; ROCCARO, M.; SCHON, M.; LOGEMANN, E.; SOMSSICH, I. E. Transcriptional reprogramming regulated by WRKY18 and WRKY40 facilitates powdery mildew infection of *Arabidopsis*. *Plant J.*, v. 64, p. 912–923, 2010.

PANG, Q.; CHEN, S.; DAI, S.; CHEN, Y.; WANG, Y.; YAN, X. Comparative proteomics of salt tolerance in *Arabidopsis thaliana* and *Thellungiella halophila*. *Journal of proteome research*, v. 9, n. 5, p. 2584-2599, 2010.

PARIHAR, P.; SINGH, S.; SINGH, R.; SINGH, V. P.; PRASAD, S. M. Effect of salinity stress on plants and its tolerance strategies: a review. *Environmental Science and Pollution Research*, v. 22, n.6, p. 4056-4075, 2015.

PASSINHO-SOARES, H.; FELIX D.; KAPLAN, M. A.; PINHEIRO, M. M.; MARGIS, R. Authentication of medicinal plant botanical identity by amplified fragmented length polymorphism dominant DNA marker: inferences from the *Plectranthus* genus. *Planta Med.*, v. 72, n. 10, p. 929-31, 2006.

PAUL, A. L.; DENISON, F. C.; SCHULTZ, E. R.; ZUPANSKA, A. K.; FERL, R. J. 14-3-3 phosphoprotein interaction networks—Does isoform diversity present functional interaction specification? *Frontiers in Plant Science*, v. 3, n. 190, p. 1-15, 2012.

PAUL, D.; KUMAR, A.; GAJBHIYE, A.; SANTRA, M. K.; SRIKANTH, R. Mass Spectrometry-Based Proteomics in Molecular Diagnostics: Discovery of Cancer Biomarkers Using Tissue Culture. *Biomed Research Internacional*, 2013, 16 p.

PAVKOV-KELLER, T.; BUBLIN, M.; JANKOVIC, M.; BREITENEDER, H.; KELLER, W. Crystal structure of kiwi-fruit allergen Act d 2. Não publicado, 2013. Disponível em: <http://www.rcsb.org/pdb/explore/literature.do?structureId=54> BCT&ionnumber51. Acessado em: 13 de outubro de 2016.

PAVOKOVIĆ, D.; KRIŽNIK, B.; KRSNIK-RASOL, M. Evaluation of protein extraction methods for proteomic analysis of non-model recalcitrant plant tissues. *Croatica Chemica Acta* 85:177–183, 2012.

PELLETIER, S.W. (ed.). *Alkaloids chemical and biological perspectives*. v.1-6. Nova Iorque: Willey, 1983-1988.

PEÑA, M. VI Botânica no Inverno 2016 / Org.– São Paulo: Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo, Departamento de Botânica, 2016. 223p. : il.

PERL, A.; LOTAN, O.; ABU-ABIED, M.; HOLLAND, D. Establishment of an Agrobacterium mediated transformation system for grape (*Vitis vinifera* L.): the role of antioxidants during grape-Agrobacterium interactions, *Nat. Biotechnology*, v. 14, p. 624–628, 1996.

PETRUSSA, E.; BRAIDOT, E.; ZANCANI, M.; PERESSON, C.; BERTOLINI, A.; PATUI, S.; VIANELLO, A. Plant Flavonoids—Biosynthesis, Transport and Involvement in Stress Responses. *International Journal Molecular Science*, v. 14, n. 7, p. 14950-14973, 2013.

PHILLIPS, M. A.; BOHLMANN, J.; GERSHENZON, J. Molecular regulation of induced terpenoid biosynthesis in conifers. *Phytochem Rev.*, v. 5, p. 179–189, 2006.

PINTO, A. C.; SILVA, D. H. S.; BOLZANI, V. S.; LOPES, N. P.; EPIFANIO, R. A. Produtos naturais: Atualidade, Desafios e Perspectivas, *Química Nova*, v. 25, Supl. 1, p. 45-61, 2002.

POLLIER, J.; MOSES, T.; GOOSSENS, A. Combinatorial biosynthesis in plants: a (p) review on its potential and future exploitation. *Nat Prod Rep.*, v. 28, p. 1897–1916, 2011.

POMPILHO, W. M.; BORGES, F. V.; MIGUEL, E. C. Biotecnologia e biodiversidade: as florestas brasileiras como fonte de novos fármacos com propriedades antitumorais. *Acta Scientiae & Technicae*, v. 1, n. 1, 14 p., 2013.

RASOULNIA, A.; BIHAMTA, M. R.; PEYGHAMBARI, S. A.; ALIZADEH, H.; RAHNAMA, A. Proteomic response of barley leaves to salinity. *Molecular biology reports*, v. 38, n. 8, p. 5055-5063, 2011.

RAZAVIZADEH, R.; EHSANPOUR, A. A.; AHSAN, N.; KOMATSU, S. Proteome analysis of tobacco leaves under salt stress. *Peptides*, v. 30, n. 9, p. 1651-1659, 2009.

RINALDUCCI, S.; EGIDI, M. G.; KARIMZADEH, G.; JAZII, F. R.; ZOLLA, L. Proteomic analysis of a spring wheat cultivar in response to prolonged cold stress. *Electrophoresis*, v. 32, n. 14, p. 1807-1818, 2011.

RÍPODAS, C.; VIA, V. D.; AGUILAR, O. D.; ZANETTI, M. E.; BLANCO, F. A. Knock-down of a member of the isoflavone reductase gene family impairs plant growth and nodulation in *Phaseolus vulgaris*. *Plant Physiol. Bioch.*, v. 68, p. 81–89, 2013.

RHOADES, D. F.; CATES, R. G. Toward a general theory of plant antiherbivore chemistry. *Recent Advances in Phytochemistry*, v. 10, p. 168–213, 1976.

RÖHRIG, H.; SCHMIDT, J.; COLBY, T.; BRÄUTIGAM, A.; HUFNAGEL, P.; BARTELS, D. Desiccation of the resurrection plant *Craterostigma plantagineum* induces dynamic changes in protein phosphorylation. *Plant, Cell & Environment*, v. 29, n. 8, p. 1606-1617, 2006.

SAHNOUN, I.; DÉHAIS, P.; MONTAGU, M. V.; ROSSIGNOL, M.; ROUZÉ, P. A plant plasma membrane database. *Journal Biotech.* v. 78. p. 235-246, 2000.

SAITO, K.; YONEKURA-SAKAKIBARA, K.; NAKABAYASHI, R.; HIGASHI, Y.; YAMAZAKI, M.; TOHGE, T.; FERNIE, A.R. The flavonoid biosynthetic pathway in *Arabidopsis*: structural and genetic diversity. *Plant Physiol. Biochem.*, v. 72, p. 21–34, 2013.

SALEKDEH, G. H.; SIOPONGCO, J.; WADE, L. J.; GHAREYAZIE, B.; BENNETT, J. Proteomic analysis of rice leaves during drought stress and recovery. *Proteomics*, v. 2, p. 1131–1145, 2002.

SANTOS, A. S.; ARAÚJO, S. F.; GOULART, H. F.; CAETANO, L. C.; ARRUDA, M. S. P.; SANTOS, L. S.; SANTA'ANA, A. E. G. A dehydrorotenoid produced by callus tissue culture and wild plant roots of *Boerhaavia coccinea*. *Revista Brasileira de Farmacognosia*, v. 17, p. 538-541, 2007.

SANTOS-BUELGA, C.; WILLIAMSON, G. (Ed.). *Methods in polyphenol analysis*. Royal Society of chemistry, 2003.

SARKAR, N. K.; KIM, Y. K.; GROVER, A. Rice sHsp genes: genomic organization and expression profiling under stress and development. *BMC Genomics*, v. 10, p. 1-18, 2009.

SATO, A. Y.; DIAS, H. C. T.; ANDRADE, L. A.; SOUZA, V. C. Micropropagação de *Celtis* sp: controle da contaminação e oxidação. *Cerne*, v.7, n.2, p.117-23, 2001.

SCHLAEPP, K.; ABOU-MANSOUR, E.; BUCHALA, A.; MAUCH, F. Disease resistance of *Arabidopsis* to *Phytophthora brassicae* is established by the sequential action of indole glucosinolates and camalexin. *Plant J.*, v. 62, p. 840–851, 2010.

SENBAGALAKSHMI, P.; RAO, M.; SENTHIL, V.; KUMAR T. *In Vitro* Studies, Biosynthesis of Secondary Metabolites and Pharmacological Utility of *Catharanthus roseus* (L.) G. Don.: A Review. In: Naeem M., Aftab T., Khan M. (eds) *Catharanthus roseus*. Springer, Cham, p. 153 – 159, 2017.

SERAFIM-PINTO, D.; TOMAZ, A.C.A.; TAVARES, J.F.; TENÓRIO-SOUZA, F.H.; DIAS, C.S.; BRAZ-FILHO, R.; CUNHA, E.V.L. Secondary metabolites isolated from *Richardia brasiliensis* Gomes (Rubiaceae). *Brazilian Journal of Pharmacognosy*, v. 18, p. 3, p. 367-372, 2008.

SHAJISELVIN, C. D.; MUTHU, A. K. *In vitro* evaluation of free radical scavenging potential of various extracts of whole plant of *Borreria hispida* (Linn). *International Journal of Pharma and Bio Sciences*, v. 1, n. 2, 2010.

SHALATA, A.; MITTOVA, V.; VOLOKITA, M.; GUY, M.; TAL, M. Response of the cultivated tomato and its wild salt-tolerant relative *Lycopersicon pennellii* to salt-dependent oxidative stress: the root antioxidative system. *Physiol. Plant.* v. 112, p. 487–494, 2001.

SHARMA, N.; SHARMA, K. P.; GAUR, R. K.; GUPTA, V. K. Role of chitinase in plant defense. *Asian Journal of Biochemistry*, v. 6, n. 1, p. 29-37, 2011.

SHARMA, P.; JHA, A. B.; DUBEY, R. S.; PESSARAKLI, M. Reactive oxygen species, oxidative damage, and antioxidative defense mechanism in plants under stressful conditions. *Journal of Botany*, v. 2012, p. 1-26, 2012.

SHOJI, T.; WINZ, R.; IWASE, T.; NAKAJIMA, K.; YAMADA, Y.; HASHIMOTO, T. Expression patterns of two tobacco isoflavone reductase-like genes and their possible roles in secondary metabolism in tobacco. *Plant Mol Biol*, v. 50, p. 427–440, 2002.

SCHULER, M. A. P450s em interações planta-inseto. *Biochimica et Biophysica Acta (BBA)*, v. 1814, n. 1, p. 36-45, 2011.

SHUKLA, A. K.; SHASANY, A. K.; GUPTA, M. M.; KHANUJA, P. S. Transcriptome analysis in *Catharanthus roseus* leaves and roots comparative terpenoid indole alkaloid profiles. *Journal of Experimental Botany*, v. 57, p. 3921–3932, 2006.

SILVA, A. M. S.; CORRÊA, G. C.; REIS, E. M. Proteômica—Uma abordagem funcional do estudo do genoma. *Saúde & Ambiente*, v. 2, p. 1-10, 2007.

SILVA, C. M.; STEPHAN, M. P.; SANTOS, A. A.; AZEVEDO, T. L.; FONSECA, M. J. O.; CAMPOS, R. S. Extração de Proteínas do Fruto e da

Folha do Morangueiro e Preparo da Amostra para Aplicação em Eletroforese SDS-PAGE. EMBRAPA – Comunicado técnico 183, 2013, 4 p.

SILVA, R. C.; CARMO, L. S. T.; LUIS, Z. G.; SILVA, L. P.; SCHERWINSKI-PEREIRA, J. E.; MEHTA, A. Proteomic identification of differentially expressed proteins during the acquisition of somatic embryogenesis in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.), *J. Proteome*, v. 104, p.112–127, 2014.

SIMÕES, C. M. O.; SCHENKEL, E. P.; GOSMAN, G.; MELLO, J. C. P.; MENTZ, L. A.; PETROVICK, P. R. Farmacognosia: da planta ao medicamento. Florianópolis: Editora da UFSC, 1102 p., 2007.

SIMÕES, C. M. O.; SCHENKEL, E. P.; GOSMANN, G.; MELLO, J. C. P.; MENTZ, L. A.; PETROVICK, P. R. Farmacognosia: da planta ao medicamento. 5 ed. Universidade Federal do Rio Grande do Sul, Porto Alegre, 2004.

SLUIS, A.; HAKE, S. Organogenesis in plants: initiation and elaboration of leaves. *Trends in Genetics*, v. 31, n. 6, p. 300-306, 2015.

SOTTOMAYOR, M.; CARDOSO, I. L.; PEREIRA, L. G.; BARCELÓ, A. R. Peroxidases and the biosynthesis of terpenoid indole alkaloids in the medicinal plant *Catharanthus roseus* (L.) G. Don. *Phytochemistry Reviews*, v. 3, p.159-71, 2004.

SOUZA, A. L. Análise proteômica de semente e pericarpo de guaraná em diferentes estádios de maturação. Dissertação de Mestrado. Universidade Federal do Amazonas – UFAM / Manaus AM, 140 p., 2010.

SOUZA, A. L.; ANGELO, P. C. S. 2.; NOGUEIRA, P. P. O.; GONÇALVES, J. F. C.; FRANCO, A. M.; ASTOLFI-FILHO, S.; LÓPEZ-LOZANO, J. L.; ANDRADE, E. V. Method for obtaining high-resolution proteomic analysis from pericarps of guaraná. *Genetics and Molecular Research*, v. 13, n. 3, p. 8014-8024, 2014.

SPREITZER, R.; SALVUCCI, M. E. RUBISCO: Structure, Regulatory Interactions, and Possibilities for a Better Enzyme, 2002.

SRISKANDARAJAH, S., PRINSEN, E., MOTYKA, V. DOBREV, P. I., SEREK, M. Schlumbergera and Rhipsalidopsis in Relation to Endogenous Phytohormones, Cytokinin Oxidase/ Dehydrogenase, and Peroxidase Activities. *Journal of Plant Growth Regulation*. v. 25, n. 1, p.79–88, 2006.

SRIVASTAVA, S.; SRIVASTAVA, A. K. Hairy root culture for mass-production of high value secondary metabolites. *Critical Reviews in Biotechnology*, [S. I.], v. 27, p. 29-43, 2007.

STESSL, M.; NOE, C. R.; LACHMANN, B. Influence of image-analysis software on quantitation of two-dimensional gel electrophoresis data. *Electrophoresis*, v. 30, n. 2, p. 325-328, 2009.

STOLARZEWICZ, I. A., CIEKOT, J., FABISZEWSKA, A. U., AND BIALECKA-FLORJANCZYK, E. Plant and microbial sources of antioxidants. *Postepy.Hig.Med. Dosw.*, v. 67, p. 1359–1373, 2013.

SU, P. H.; LI, H. M. Stromal Hsp70 is important for protein translocation into pea and *Arabidopsis* chloroplasts. *Plant Cell*, v. 22, p. 1516–1531, 2010.

SUGIYAMA, M. Organogenesis in vitro. *Current Opinion in Plant Biology*, v. 2, n. 1, p. 61-64, 1999.

SUNG, D. Y.; VIERTLING, E.; GUY, C. L. Comprehensive expression profile analysis of the *Arabidopsis* Hsp70 gene family. *Plant Physiol*, v. 126, p. 789–800, 2001.

SURABHI, G. K. A comparative method for protein extraction and proteome analysis by two-dimensional gel electrophoresis from banana fruit. *Horticultural Biotechnology Research*, 2016.

SWAMI, A. K.; ALAM, S. I.; SENGUPTA, N.; SARIN, R. Differential proteomic analysis of salt stress response in *Sorghum bicolor* leaves. *Environmental and Experimental Botany*, v. 71, n. 2, p. 321-328, 2011.

TAIZ, L.; ZEIGER, E. *Fisiologia Vegetal*. 5ª ed. – Porto Alegre: Artmed, 2013.

TAN, B. C., CHIN; C. F.; LIDDELL, S.; ALDERSON, P. Proteomic Analysis of Callus Development in *Vanilla planifolia* Andrews. *Plant Molecular Biology Reporter*, v. 31, p. 1220–1229, 2013.

TANAKA, Y.; OHMIYA, A. Seeing is believing: engineering anthocyanin and carotenoid biosynthetic pathways. *Curr. Opin. Biotechnol.*, v. 19, p. 190–197, 2008.

TANAKA, Y.; SASAKI, N.; OHMIYA, A. Biosynthesis of plant pigments: anthocyanins, betalains and carotenoids. *Plant J.*, v. 54, p. 733–749, 2008.

TATSIS, E. C.; O'CONNOR, S. E. New developments in engineering plant metabolic pathways. *Curr. Opin. Biotechnol.* v. 42, p. 126–132, 2016.

TAYLOR, C. M.; CAMPOS, M. T. V. A. *Flora da Reserva Ducke, Amazonas, Brasil: Rubiaceae*. *Zappi Rodriguésia*, 58(3):549-616, 2007.

THELEN, J. J.; MIERNYK, J. A. The proteomic future: where mass spectrometry should be taking us. *Biochem. J.*, v. 444, p. 169–181, 2012.

THIELLEMENT, H.; BAHRMAN, N.; DAMERVAL, C.; PLOMION, C.; ROSSIGNOL, M.; SANTONI, V.; DE VIENNE, D.; ZIVY, M. Proteomics for genetics and physiological studies in plants. *Journal Eletrophoresis*, v. 20.p. 2013-2026, 1999.



THOLL D. Terpene synthases and the regulation, diversity and biological roles of terpene metabolism. *Curr Opin Plant Biol.*, v. 9, p. 297–304, 2006.

THOMMA, B. P. H. J.; NELISSEN, I.; EGGERMONT, K.; BROEKAERT, W. F. Deficiency in phytoalexin production causes enhanced susceptibility of *Arabidopsis thaliana* to the fungus *Alternaria brassicicola*. *Plant J.*, v. 19, p. 163–171, 1999.

THOPPIL, R. J.; BISHAYEE, A. Terpenoids as potential chemopreventive and therapeutic agents in liver cancer. *World Journal Hepatology*, v.3, p. 228–249, 2011.

TONIETTO, A.; SATO, J. H.; TEIXEIRA, J. B.; SOUZA, E. M.; PEDROSA, F. O.; FRANCO, O. L.; MEHTA, A. Proteomic Analysis of Developing Somatic Embryos of *Coffea Arabica*. *Plant Mol Biol Rep*, v.30, p. 1393–1399, 2012.

TOORCHI, M.; YUKAWA, K.; NOURI, M. Z.; KOMATSU, S. Proteomics approach for identifying osmotic-stress-related proteins in soybean roots. *Peptides*, v. 30, n. 12, p. 2108-2117, 2009.

TOUZET, P.; RICCARDI, F.; MORIN, C.; DAMERVAL, C.; HUET, J-C.; PERNOLLET, JC.; ZIVY, M. DE VIENNE, D. The mayze two-dimensional gel protein database: towards an integrated genome analysis program. *Rev. Theor. Appl. Genet.*, v. 93.p. 997-1005, 1996.

TRÓPICOS. Missouri Botanical Garden – MOBOT. Família Rubiaceae. Disponível em <<http://www.tropicos.org/name/42000315>>. Acesso em 18 de setembro de 2016.

USHA, R.; SANGEETHA, S.; PALANISWAMY, M. Antimicrobial activity of rarely known species *Morinda citrifolia* L. *Ethnobot. Leaf.*, v. 14, p. 306-311, 2010.

VALLEDOR, L; JORRIN, J. Back to the basics: Maximizing the information obtained by quantitative two dimensional gel electrophoresis analyses by an appropriate experimental design and statistical analyses. *Journal os Proteomics*, v. 74, n, 1, p. 1-18, 2011.

VAZQUEZ-FLOTA, F.; De CAROLIS, E.; ALARCO, A. M.; De LUCA, V. Molecular cloning and characterization of desacetoxvindoline-4-hydroxylase, a 2-oxoglutarate dependent-dioxygenase involved in the biosynthesis of vindoline in *Catharanthus roseus* (L.) G. Don. *Plant molecular biology*, v. 34, n. 6, p. 935-948, 1997.

VEERANAGAMALLAIAH, G.; JYOTHSNAKUMARI, G.; THIPPESWAMY, M.; REDDY, P.C.; SURABHI, G.K.; SRIRANGAYAKULU, G.; MAHESH, Y.; RAJASEKHAR, B.; MADHURAREKHA, CH.; SUDHAKAR, C. Proteomic Analysis of Salt Stress Responses in Foxtail Millet (*Setaria italica* L. cv Prasad) Seedlings. *Plant Science*, v. 175, p. 631-641, 2008.

VERMA, P.; MATHUR, A. K.; KHAN, S. A.; VERMA, N.; SHARMA, A. Transgenic studies for modulating terpenoid indole alkaloids pathway in *Catharanthus roseus*: present status and future options. *Phytochemistry Reviews*, v. 16, n. 1, p. 19–54, 2017,

VERMERRIS, W.; NICHOLSON, R. *Phenolic Compound Biochemistry*. Dordrecht, Netherlands: Springer. 2006.

VIEGAS JUNIOR, C.; BOLZANI, C.; SILVA, V.; et al. Os produtos naturais e a química medicinal moderna. *Química Nova*, v. 29, p. 326-337, 2007.

VILHENA, M. B.; FRANCO, M. R.; SCHMIDT, D.; CARVALHO, G.; AZEVEDO, R. A. Evaluation of protein extraction methods for enhanced proteomic analysis of tomato leaves and roots. *Acad. Bras. Ciênc.*, v. 87, n.3, 2015.

VINCENT, D.; WHEATLEY, M. D.; CRAMER, G. R. Optimization of protein extraction and solubilization for mature grape berry clusters. *Electrophoresis*, v. 27, n. 9, p. 1853-1865, 2006.

VILLAREAL, M. L.; ARIAS, C.; VEJA, J.; FERIA-VELASCO, A.; RAMIREZ, O. T.; NICASIO, P.; ROJAS, G.; QUINTERO, R. Cell suspension culture of *Solanum chrysotrichum* - a plant producing an antifungal spirostanol saponin. *Plant Cell Tiss Org Cult*, v. 50, p. 39-44, 1997.

VRANOVÁ, E.; ATICHARTPONGKUL, S.; VILLARROEL, R.; VAN MONTAGU, M.; INZÉ, D.; VAN CAMP, W. Comprehensive analysis of gene expression in *Nicotiana tabacum* leaves acclimated to oxidative stress. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* v. 99, p. 10870–10875, 2002.

WANG, G.; TANG, W.; BIDIGARE R. R. Terpenoids as therapeutic drugs and pharmaceutical agents. Natural products: Drug discovery and therapeutic medicine. In: Zhang L, Demain AL (Eds.). Totowa, NJ: Humana Press, p. 197–227, 2005.

WANG, W.; SCALI, M.; VIGNANI, R.; SPADAFORA, A.; SENSI, E.; MAZZUCA, S.; CRESTI, M. Protein extraction for two-dimensional electrophoresis from olive leaf, a plant tissue containing high levels of interfering compounds. *Electrophoresis*, v. 24, p. 2369-2375, 2003.

WANG, X.; YANG, P.; GAO, Q.; LIU, X.; KUANG, T.; SHEN, S.; HE, Y. Proteomic analysis of the response to high-salinity stress in *Physcomitrella patens*. *Planta*, v. 228, n. 1, p. 167-177, 2008.

WANG, X.; SHAN, X.; WU, Y.; SU, S.; LI, S.; LIU, H.; HAN, J.; XUE, C.; YUAN, Y. iTRAQ-based quantitative proteomic analysis reveals new metabolic pathways responding to chilling stress in maize seedlings. *Journal of Proteomics*, v. 2, p. 14-24, 2016.

WESTERMEIER, Journal Electrophoresis in practice. Weinheim: Wiley-VCH, 2001.

WESTON, L. A., AND MATHESIUS, U. Flavonoids: their structure, biosynthesis and role in the rhizosphere, including allelopathy. J. Chem. Ecol., v. 39, p. 283–297, 2013.

WILKINS, M. R.; SANCHEZ, J. C.; WILLIAMS, K. L.; HOCHSTRASSER, D. F. Current challenges and future applications for protein maps and post-translational vector maps in proteome projects. Journal Electrophoresis, v. 17. n. 5. p. 830-838, 2001.

WINKEL-SHIRLEY, B. It takes a garden. How work on diverse plant species has contributed to an understanding of flavonoid metabolism. Plant Physiol. v. 127, p. 1399–1404, 2001.

WINKEL-SHIRLEY, B. Flavonoid Biosynthesis. A Colorful Model for Genetics, Biochemistry, Cell Biology, and Biotechnology. Plant Physiol, v. 126, 2001.

YE, J.; WANG S. , ZHANG, F; XIE, D; YAO, Y. Proteomic analysis of leaves of different wheat genotypes subjected to PEG 6000 stress and rewatering Jingxiu. Plant Omics Journal, v. 6, n. 4, p. 286-294, 2013.

YILDIZTUGAY, E.; OZFIDAN-KONAKCI, C.; KUCUKODUK, M. Improvement of cold stress resistance via free radical scavenging ability and promoted water status and photosynthetic capacity of gallic acid in soybean leaves. Journal of soil science and plant nutrition, v. 17, n. 2, p. 366-384, 2017.

YOON, G. M.; KIEBER, J. J. 14-3-3 regulates 1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase protein turnover in *Arabidopsis*. Plant Cell, v. 25, p. 1016–1028, 2013.

YOSHIMURA, K.; MASUDA, A.; KUWANO, M.; YOKOTA, A.; AKASHI, K. Programmed proteome response for drought avoidance/tolerance in the root of a C3 xerophyte (wild watermelon) under water deficits. Plant and Cell Physiology, v. 49, n. 2, p. 226-241, 2008.

YU, J.; CHEN, S.; ZHAO, Q.; WANG, T.; YANG, C.; DIAZ, C.; DAI, S. Physiological and proteomic analysis of salinity tolerance in *Puccinellia tenuiflora*. Journal of Proteome Research, v. 10, n. 9, p. 3852-3870, 2011.

YUN-JHIH, S. H. I. H.; CHANG, H. C.; MIN-CHIEH, T. S. A. I.; TING-YING, W. U.; TAI-CHUNG, W. U.; PING, K. A. O.; CHANG, F. Comparative leaf proteomic profiling of salt-treated natural variants of *Imperata cylindrica*. Taiwan, v. 63, n. 2, 2018.

ZAFFAGNINI, M.; MICHELETA, L.; SCIABOLINIC, C.; GIACINTO, N.; MORISSEA, S.; MARCHANDA, C. H.; TROSTB, P.; FERMANIC, S.; LEMAIREA, S. D. High-Resolution Crystal Structure and Redox Properties of

Chloroplastic Triosephosphate Isomerase from *Chlamydomonas reinhardtii*. *Molecular Plant*, v. 7, n. 1, p. 101–120, 2014.

ZAMORE, P. D.; BARTEL, D. P.; LEHMANN, R.; WILLIAMSON, J. R. The Pumilio-RNA Interaction: a single RNA binding domain monomer recognizes a bipartite target sequence. *Biochemistry*, v. 38, p. 596-604, 1999.

ZANCA, S. S. Análise fitoquímica sazonal e cultura de tecidos in vitro de *Duroia macrophylla* Huber. Dissertação de Mestrado. Instituto Nacional de Pesquisas da Amazônia – INPA / Manaus AM, 2015. 136 p.

ZARKADAS, C. G.; GAGNON, C.; GLEDDIE, S.; KHANIZADEH, S.; COBER, E. R.; GUILMETTE, R. J. D. Assessment of the protein quality of fourteen soybean *Glycine max* (L.) Merr. Cultivars using amino acid analysis and two-dimensional electrophoresis. *Food Research Internacional*, v. 40, n. 1, p. 129-146, 2007.

ZHANG, H.; CHEN, J.; ZHANG, F.; SONG, Y. Transcriptome analysis of callus from melon. *Gene*, 2018.

ZHAO, L.; DONG, Y.; CHEN, G.; HU, Q. Extraction, purification, characterization and antitumor activity of polysaccharides from *Ganoderma lucidum*. *Carbohydrate Polymers*, v. 80, n. 3, p. 783-789, 2010.

ZUBAREV, R. A.; MAKAROV, A. Orbitrap mass spectrometry. *Anal. Chem*, v. 85, n. 11, p. 5288–5296, 2013.

## ANEXOS

Anexo 1. Proteínas identificadas nos geis bidimensionais de galhos de *Duroia macrophylla*

Spot	Código	Descrição	Taxonomia	Teórico		Experimental		Score
				mW (Da)	pI	mW (Da)	pI	
74	P29061	Endoquitinase básica	<i>Nicotiana tabacum</i>	32393,3	8,98	32772	8,98	100
75	P29061	Endoquitinase básica	<i>Nicotiana tabacum</i>	32393,3	8,98	32772	8,98	100
73	Q8GXP1	Proteína RINT1-like MAG2L	<i>Arabidopsis thaliana</i>	92352,1	6,40	93206	6,4	45
71	<b>Abaixo do score</b>							
83	<b>SEM RESULTADOS</b>							
67	<b>SEM RESULTADOS</b>							
91	A9TIK2	Adenilosuccinato sintetase 2, cloroplasto	<i>Physcomitrella patens subsp. patens</i>	55742,4	5,76	56335	5,76	36
92	A9TIK2	Adenilosuccinato sintetase 2, cloroplasto	<i>Physcomitrella patens subsp. patens</i>	55742,4	5,76	56335	5,76	36
93	A9TIK2	Adenilosuccinato sintetase 2, cloroplasto	<i>Physcomitrella patens subsp. patens</i>	55742,4	5,76	56335	5,76	45
95	P25848	Proteína quinase sensora de luz	<i>Ceratodon purpureus</i>	145844,1	5,76	147404	5,76	39
18	A9TIK2	Adenilosuccinato sintetase 2, cloroplasto	<i>Physcomitrella patens subsp. patens</i>	55742,4	5,76	56335	5,76	33
19	Q01859	ATP sintase subunidade beta, mitocondrial	<i>Oryza sativa subsp. japônica</i>	58934,1	5,95	59012	5,95	621
21	Q01859	ATP sintase subunidade beta, mitocondrial	<i>Oryza sativa subsp. Japônica</i>	58934,1	5,95	59012	5,95	621
38	P29023	Endoquitinase B	<i>Zea mays</i>	28165,6	8,94	29060	8,94	262
39	A2XRZ0	Provável aldo-ceto redutase 2	<i>Oryza sativa subsp. indica</i>	38175,5	6,17	38437	6,17	533
15	P26301	Enolase 1	<i>Zea mays</i>	48063,5	5,20	48262	5,2	327
16	P26301	Enolase 1	<i>Zea mays</i>	48063,5	5,20	48262	5,2	101
42	Q42671	Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase, citosol	<i>Craterostigma plantagineum</i>	36476,9	7,06	36568	7,06	158

47	P43643	Fator de alongação 1-alpha	<i>Nicotiana tabacum</i>	49282	9,20	49593	9,2	589
72	P85485	Proteína desconhecida 1	<i>Pinus halepensis</i>	1031,1	4,03	1031	4,03	49
66	P85485	Proteína desconhecida 1	<i>Pinus halepensis</i>	1031,1	4,03	1031	4,03	49
80	P12863	Triosefosfato isomerase, citosol	<i>Zea mays</i>	27024,9	5,52	27236	5,52	201
79	O23715	Subunidade alfa do proteasoma tipo-3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	27377,3	5,93	27645	5,93	123
40	P40691	Proteína de indução de auxina PCNT115	<i>Nicotiana tabacum</i>	33856,9	7,01	34292	7,1	74
41	Q42368	Piruvato, fosfato diquinase 2	<i>Zea mays</i>	96076,1	5,59	96756	5,54	116
5	P05495	ATP sintase subunidade alfa, mitocondrial	<i>Nicotiana plumbaginifolia</i>	55225,3	5,84	55476	5,84	201
4	Q31669	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Anthospermum herbaceum</i>	51872,5	5,95	52295	5,95	47
43	P25861	Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase, citosol	<i>Antirrhinum majus</i>	36685	8,30	36776	8,3	624
28	P84733	Citocromo c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708	9,31	1707	9,63	32
51	P84733	Citocromo c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708	9,31	1707	9,63	32
85	P85485	Proteína desconhecida 1 (Fragment)	<i>Pinus halepensis</i>	1031,1	4,03	1031	4,03	50
12	Q6ZDY8	Succinato desidrogenase [ubiquinona] subunidade de flavoproteína, mitocondrial	<i>Oryza sativa subsp. japonica</i>	68853,8	6,61	69494	6,61	106
62	Q9XET4	Proteína ribossomal 40S S7	<i>Secale cereale</i>	22188,7	9,75	22232	9,75	55
53	E1U332	Proteína isoflavona redutase-like	<i>Olea europaea</i>	34068,1	5,57	34104	5,56	43
48	E1U332	Proteína isoflavona redutase-like	<i>Olea europaea</i>	34068,1	5,57	34104	5,56	43
98	Q1W1Q6	NADP-dependente gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase	<i>Arabidopsis thaliana</i>	53060,3	6,23	53710	6,23	
90	P25848	Proteína quinase sensora de luz	<i>Ceratodon purpureus</i>	145844,1	5,76	147404	5,76	37
26	P84733	Citocromo c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708	9,31	1707	9,63	30
6	P84733	Citocromo c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708	9,31	1707	9,63	38
70	P84733	Citocromo c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708	9,31	1707	9,63	38

<b>60</b>	<b>SEM RESULTADOS</b>								
<b>88</b>	P84733	Citocrom c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708	9,31	1707	9,63	36	
<b>49</b>	Q9LJX4	Homólogo de PUMILIO	<i>Arabidopsis thaliana</i>	106995,1	5,61	107384	5,61	57	
<b>56</b>	P15590	Alelo S da globulina-1	<i>Zea mays</i>	65029	6,63	65446	6,63	39	
<b>3</b>	Q31715	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Bertiera breviflora</i>	51985,1	6,04	52522	6,04	90	
<b>24</b>	P84733	Citocromo c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708	9,31	1707	9,63	32	
<b>59</b>	<b>SEM RESULTADOS</b>								
<b>55</b>	<b>SEM RESULTADOS</b>								
<b>101</b>	Q8GXP1	Proteína RINT1-like MAG2L	<i>Arabidopsis thaliana</i>	92352,1	6,04	93206	6,04	37	
<b>68</b>	P84733	Citocromo c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708	9,31	1707	9,63	30	
<b>57</b>	P04712	Sacarose sintase 1	<i>Zea mays</i>	91731,9	5,96	92073	5,96	313	
<b>33</b>	<b>SEM RESULTADOS</b>								
<b>25</b>	<b>SEM RESULTADOS</b>								
<b>65</b>	<b>SEM RESULTADOS</b>								
<b>45</b>	Q6K5G8	Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase, citosólico	<i>Oryza sativa subsp. japonica</i>	36567,9	7,69	36716	7,68	377	
<b>69</b>	<b>Abaixo do score</b>								
<b>32</b>	<b>SEM RESULTADOS</b>								
<b>20</b>	Q8W4E2	Proton tipo V ATPase subunidade B 3	<i>Arabidopsis thaliana</i>	54311,8	4,99	54392	4,99	124	
<b>64</b>	P84720	Proteína LRR de resistência a doenças putativa/transmembrane receptor kinase PS4	<i>Pinus strobus</i>	870	9,72	870	9,63	30	
<b>86</b>	<b>SEM RESULTADOS</b>								
<b>9</b>	Q42876	Leucina aminopeptidase 2, cloroplástico	<i>Solanum lycopersicum</i>	59549,2	8,18	60082	8,18	143	

## Anexo 2. Proteínas identificadas nos geis bidimensionais de folhas de *Duroia macrophylla*

Spot	Código	Descrição	Taxonomia	Teórico		Experimental		Score
				mW (Da)	pI	mW (Da)	pI	
<b>42</b>	<b>Abaixo do score</b>							
56	Q8GXP1	Proteína RINT1-like MAG2L	<i>Arabidopsis thaliana</i>	92352,1	6,40	93206	6,40	37
44	P84733	Citocromo c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708	9,31	1707	9,63	34
55	P15590	Alelo S da globulina-1	<i>Zea mays</i>	65029	6,63	65446	6,63	76
50	P12359	Proteína potenciadora envolvendo oxigênio 1, cloroplasto	<i>Spinacia oleracea</i>	35170,5	5,58	35377	5,58	56
22	Q7X9A0	Ribulose bisfosfato carboxilase/oxigenase ativase 1, cloroplasto	<i>Larrea tridentata</i>	52141,2	6,39	52450	6,38	568
49	P14226	Proteína potenciadora envolvendo oxigênio 1, cloroplasto	<i>Pisum sativum</i>	34893,3	6,25	35100	6,25	48
45	P14226	Proteína potenciadora envolvendo oxigênio 1, cloroplasto	<i>Pisum sativum</i>	34893,3	6,25	35100	6,25	475
<b>53</b>	<b>SEM RESULTADOS</b>							
57	P0CJ48	Proteína de ligação de clorofila a-b 2, cloroplasto	<i>Arabidopsis thaliana</i>	28227	5,29	28266	5,29	124
47	P14226	Proteína potenciadora envolvendo oxigênio 1, cloroplasto	<i>Pisum sativum</i>	34893,3	6,25	35100	6,25	111
46	P12359	Proteína potenciadora envolvendo oxigênio 1, cloroplasto	<i>Spinacia oleracea</i>	35170,5	5,58	35377	5,58	647
51	P12359	Proteína potenciadora envolvendo oxigênio 1, cloroplasto	<i>Spinacia oleracea</i>	35170,5	5,58	35377	5,58	77
70	Q6ZKC0	Proteína 14-3-3-like GF14-C	<i>Oryza sativa subsp. japonica</i>	28826,5	4,78	28979	4,78	71
71	P04712	Sacarose sintase 1	<i>Zea mays</i>	91731,9	5,96	92073	5,96	114
9	P28382	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Barleria prionitis</i>	51639,7	6,05	52177	6,95	669
4	A0A342	ATP sintase subunidade beta, cloroplasto	<i>Coffea arabica</i>	53666,5	5,36	53690	5,36	1653



6	P48694	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Coffea arabica</i>	53353,6	6,13	53833	6,13	678
7	P28382	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Barleria prionitis</i>	51639,7	6,05	52177	6,95	319
2	A0A342	ATP sintase subunidade beta, cloroplasto	<i>Coffea arabica</i>	53666,5	5,36	53690	5,36	1142
5	Q31715	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Bertiera breviflora</i>	51985,1	6,04	52522	6,04	385
10	P48694	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Coffea arabica</i>	53353,6	6,13	53833	6,13	704
11	O98668	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Pandorea jasminoides</i>	51829,2	6,09	52308	6,10	666
3	A0A342	ATP sintase subunidade beta, cloroplasto	<i>Coffea arabica</i>	53666,5	5,36	53690	5,36	1702
69	P0CJ48	Proteína de ligação de clorofila a-b 2, cloroplasto	<i>Arabidopsis thaliana</i>	28227	5,29	28266	5,29	50
20	P85086	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Arachis hypogaea</i>	15046,2	4,35	15207	4,35	133
21	Q40073	Ribulose bisfosfato carboxilase/oxigenase ativase 1, cloroplasto	<i>Hordeum vulgare</i>	51074	8,04	51383	8,04	430
<b>67</b>	<b>Abaixo do score</b>							
68	P0CJ48	Proteína de ligação de clorofila a-b 2, cloroplasto	<i>Arabidopsis thaliana</i>	28227	5,29	28266	5,29	69
27	A2XRZ0	Provável aldo-ceto redutase 2	<i>Oryza sativa subsp. indica</i>	38175,5	6,17	38437	6,17	254
73	P04712	Sucrose sintase 1	<i>Zea mays</i>	91731,9	5,96	92073	5,96	356
34	P26301	Enolase 1	<i>Zea mays</i>	48063,5	5,20	48262	5,20	357
26	Q93ZN2	Provável aldo-ceto redutase 4	<i>Arabidopsis thaliana</i>	37924,5	5,92	38357	5,92	328
62	P15590	Alelo S da globulina-1	<i>Zea mays</i>	65029	6,63	65446	6,63	152
63	P27494	Proteína de ligação 36 de clorofila a-b 2, cloroplasto	<i>Nicotiana tabacum</i>	28638,5	5,33	28734	5,33	186
32	P19824	Fosforibuloquinase, cloroplasto	<i>Chlamydomonas reinhardtii</i>	41892,2	8,11	42151	8,11	120
38	P52578	Homólogo de isoflavona redutase	<i>Solanum tuberosum</i>	33851,7	6,16	33831	6,16	186
39	P52578	Homólogo de isoflavona redutase	<i>Solanum tuberosum</i>	33851,7	6,16	33831	6,16	56
78	Q9S7H1	Centro de reação do fotosistema 1 subunidade II, cloroplasto	<i>Arabidopsis thaliana</i>	22597,8	9,78	22641	9,78	383

29	<b>SEM RESULTADOS</b>							
19	<b>SEM RESULTADOS</b>							
80	P12359	Proteína potenciadora envolvendo oxigênio 1, cloroplasto	<i>Spinacia oleracea</i>	35170,5	5,58	35377	5,58	68
41	<b>SEM RESULTADOS</b>							
59	P29795	Proteína potenciadora envolvendo oxigênio 2, cloroplasto	<i>Solanum lycopersicum</i>	27946	8,26	27946	8,26	88
25	P85917	Proteína de choque térmico putativa 2	<i>Pseudotsuga menziesii</i>	973	4,53	973	4,54	44
75	O82013	Proteína de choque térmico classe II 17,3 kDa	<i>Solanum peruvianum</i>	17264,9	6,32	17311	6,32	103
13	Q31715	Ribulose bispfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Bertiera breviflora</i>	51985,1	6,04	52522	6,04	205
24	P04712	Sacarose sintase 1	<i>Zea mays</i>	91731,9	5,96	92073	5,96	112
15	P15590	Alelo S da globulina-1	<i>Zea mays</i>	65029	6,63	65446	6,63	37
28	A2XRZ0	Provável aldo-ceto redutase 2	<i>Oryza sativa subsp. indica</i>	38175,5	6,17	38437	6,17	408
14	A1EA16	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Agrostis stolonifera</i>	52819,1	6,22	53413	6,22	108
33	P15590	Alelo S da globulina-1	<i>Zea mays</i>	65029	6,63	65446	6,63	106
76	Q0ZJ14	ATP sintase da cadeia epsilon, cloroplasto	<i>Vitis vinifera</i>	14637,9	6,59	14686	6,59	67
64	P04794	Proteína de choque térmico classe I 17,5 kDa	<i>Glycine max</i>	17534,7	5,98	17524	5,98	115
77	P12353	Centro de reação do fotosistema 1 subunidade II, cloroplasto	<i>Spinacia oleracea</i>	23102,5	9,76	23145	9,76	403
65	P27879	Proteína de choque térmico classe I 18,1 kDa	<i>Medicago sativa</i>	16467,5	5,20	16457	5,20	102
40	Q6K5G8	Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase 3, citosol	<i>Oryza sativa subsp. japonica</i>	16467,5	5,20	36716	7,68	185
31	P84733	Citocromo c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708	9,31	1707	9,63	32
16	<b>SEM RESULTADOS</b>							

### Anexo 3. Proteínas identificadas nos geis bidimensionais de calos de *Duroia macrophylla*

Spot	Código	Descrição	Taxonomia	Teórico		Experimental		Score
				mW (Da)	pI	mW (Da)	pI	
<b>74</b>	<b>SEM</b>							
	<b>RESULTADOS</b>							
<b>84</b>	Q8GXP1	Proteína RINT1-like MAG2L	<i>Arabidopsis thaliana</i>	92352,12	6,40	93206	6,40	45
<b>83</b>	Q8GXP1	Proteína RINT1-like MAG2L	<i>Arabidopsis thaliana</i>	92352,12	6,40	93206	6,40	38
<b>87</b>	Q8GXP1	Proteína RINT1-like MAG2L	<i>Arabidopsis thaliana</i>	92352,12	6,40	93206	6,40	37
<b>88</b>	Q8GXP1	Proteína RINT1-like MAG2L	<i>Arabidopsis thaliana</i>	92352,12	6,40	93206	6,40	37
<b>89</b>	P84733	Citocromo c oxidase putativo subunidade II PS17	<i>Pinus strobus</i>	1708,03	9,31	1707	9,63	28
<b>86</b>	P29061	Endoquitinase básica	<i>Nicotiana tabacum</i>	32393,35	8,98	32772	8,98	56
<b>85</b>	Q8GXP1	Proteína RINT1-like MAG2L	<i>Arabidopsis thaliana</i>	92352,12	6,40	93206	6,40	36
<b>82</b>	Q9SKP6	Triosefosfato isomerase, cloroplasto	<i>Arabidopsis thaliana</i>	33345,75	7,67	33553	7,67	63
<b>30</b>	P42896	Enolase	<i>Ricinus communis</i>	47912,43	5,56	48111	5,56	593
<b>55</b>	A2XRZ0	Provável aldo-ceto redutase 2	<i>Oryza sativa subsp. indica</i>	38175,5	6,17	38437	6,17	533
<b>57</b>	A2XRZ0	Provável aldo-ceto redutase 2	<i>Oryza sativa subsp. indica</i>	38175,5	6,17	38437	6,17	347
<b>58</b>	A2XRZ0	Provável aldo-ceto redutase 2	<i>Oryza sativa subsp. indica</i>	38175,5	6,17	38437	6,17	519
<b>63</b>	Q6K5G8	Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase 3, citosol	<i>Oryza sativa subsp. japonica</i>	16467,5	5,20	36716	7,68	105
<b>31</b>	P26301	Enolase 1	<i>Zea mays</i>	48063,51	5,20	48262	5,20	308
<b>97</b>	P81370	Proteína taumatina-like	<i>Actinidia deliciosa</i>	24221,39	8,29	25175	8,29	35
<b>98</b>	P25848	Proteína quinase sensora de luz	<i>Ceratodon purpureus</i>	145844,1	5,76	147404	5,76	46
<b>95</b>	Q09054	Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase 2, citosol	<i>Zea mays</i>	36541,77	6,40	36633	6,41	162
<b>36</b>	P84733	Citocromo c oxidase putativo	<i>Pinus strobus</i>	1708,03	9,31	1707	9,63	33

subunidade II PS17								
15	P49315	Catalase isoenzima 1	<i>Nicotiana plumbaginifolia</i>	55849,92	6,75	56214	6,75	344
2	P11143	Proteína de choque térmico 70 kDa	<i>Zea mays</i>	70573,2	5,33	70871	5,22	589
94	P12863	Triosefosfato isomerase, citosol	<i>Zea mays</i>	33345,75	7,67	27236	5,52	348
103	Q04127	Proteína potenciadora envolvendo oxigênio 2-3, cloroplasto	<i>Nicotiana tabacum</i>	28683,12	8,31	28837	8,31	58
25	Q31715	Ribulose bisfosfato carboxilase de cadeia longa	<i>Bertiera breviflora</i>	51985,12	6,04	52522	6,04	132
20	P26301	Enolase 1	<i>Zea mays</i>	48063,51	5,20	48262	5,20	47
41	A2XLF2	Actina 1	<i>Oryza sativa subsp. indica</i>	41812,84	5,30	42014	5,30	273
54	A2XRZ0	Provável aldo-ceto redutase 2	<i>Oryza sativa subsp. indica</i>	38175,5	6,17	38437	6,17	417
72	O04204	Proteína ribossomal acídica 60S	<i>Arabidopsis thaliana</i>	33666,82	5,19	33703	5,19	140
67	<b>SEM RESULTADOS</b>							
69	<b>Abaixo do score</b>							
37	Q9LJX4	Homólogo de PUMILIO 5	<i>Arabidopsis thaliana</i>	106995,1	5,61	107384	5,61	47
10	P21239	RuBisCO	<i>Brassica napus</i>	57692,16	4,84	57714	4,84	686
29	P26301	Enolase 1	<i>Zea mays</i>	48063,51	5,20	48262	5,20	418
60	Q43247	Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase 3, citosol	<i>Zea mays</i>	16467,5	5,20	36597	7,01	440
62	Q6K5G8	Gliceraldeído-3-fosfato desidrogenase 3, citosol	<i>Oryza sativa subsp. japonica</i>	16467,5	5,20	36716	7,68	357
65	P52578	Homólogo de isoflavona redutase	<i>Solanum tuberosum</i>	33851,75	6,16	33831	6,16	60
23	P05495	ATP sintase subunidade alfa, mitocondrial	<i>Nicotiana plumbaginifolia</i>	55225,31	5,84	55476	5,84	179
42	P93375	Actina-104	<i>Nicotiana tabacum</i>	37144,53	5,57	37178	5,57	503
81	Q9FE01	L-ascorbato peroxidase 2, citosol	<i>Oryza sativa subsp. japonica</i>	27117,56	5,18	27215	5,21	149
93	<b>Abaixo do score</b>							

96	P84720	Proteína LRR de resistência a doenças putativa/transmembrane receptor kinase PS4	<i>Pinus strobus</i>	870,06	9,72	870	9,63	29
50	Q9SRZ6	Isocitrato desidrogenase citosólico	<i>Arabidopsis thaliana</i>	45746,22	6,13	46059	6,13	158
59	A2XRZ0	Provável aldo-ceto redutase 2	<i>Oryza sativa subsp. indica</i>	38175,5	6,17	38437	6,17	577
1	A2XRZ0	Provável aldo-ceto redutase 2	<i>Oryza sativa subsp. indica</i>	38175,5	6,17	38437	6,17	135
45	P12886	Álcool desidrogenase 1	<i>Pisum sativum</i>	41155,37	6,08	41870	6,09	119
43	O65315	Actina	<i>Coleochaete scutata</i>	41705,73	5,30	41907	5,30	182
105	Q9LJX4	Homólogo de PUMILIO	<i>Arabidopsis thaliana</i>	106995,1	5,61	107384	5,61	41
71	<b>Abaixo do score</b>							
53	<b>SEM RESULTADOS</b>							
46	<b>SEM RESULTADOS</b>							
24	P05495	ATP sintase subunidade alfa, mitocondrial	<i>Nicotiana plumbaginifolia</i>	55225,31	5,84	55476	5,84	181
18	Q40078	Proton tipo V ATPase subunidade B 1	<i>Hordeum vulgare</i>	54026,47	5,12	54107	5,12	887
34	P12783	Fosfoglicerato quinase, citosol	<i>Triticum aestivum</i>	42121,96	5,64	42153	5,64	126
48	P12886	Álcool desidrogenase	<i>Pisum sativum</i>	41155,37	6,08	41870	6,09	268
19	P42896	Enolase	<i>Ricinus communis</i>	47912,43	5,56	48111	5,56	138
7	<b>SEM RESULTADOS</b>							
75	Q43643	Proteína 14-3-3-like RA215	<i>Solanum tuberosum</i>	28595,08	4,76	28691	4,78	52
32	P42896	Enolase	<i>Ricinus communis</i>	47912,43	5,56	48111	5,56	858
13	Q9LEJ0	Enolase 1	<i>Hevea brasiliensis</i>	48063,51	5,20	48029	5,57	129

#### Anexo 4. Proteínas identificadas nos geis SDS-PAGE de calos de *Duroia macrophylla*

Proteínas	Código	Score	Massa	Matches	Sequências
(2Z,6Z)-farnesyl diphosphate synthase, chloroplastic OS= <i>Solanum habrochaites</i> GN=ZFPS PE=1 SV=1	B8XA40	26	34807	4 (1)	2 (1)
(R)-limonene synthase OS= <i>Lavandula angustifolia</i> PE=1 SV=1	Q2XSC6	26	70757	3 (2)	1 (1)
(R)-mandelonitrile lyase-like OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g73050 PE=2 SV=1	Q9SSM2	26	60916	3 (1)	3 (1)
1,4-alpha-glucan-branching enzyme OS= <i>Solanum tuberosum</i> GN=SBE1 PE=2 SV=2	P30924	26	99591	3 (1)	3 (1)
10 kDa chaperonin OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPN10 PE=3 SV=1	P34893	36	10806	1 (1)	1 (1)
12-oxophytodienoate reductase 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=OPR1 PE=1 SV=2	Q8LAH7	30	41427	1 (1)	1 (1)
14-3-3 protein 6 OS= <i>Solanum lycopersicum</i> GN=TFT6 PE=2 SV=2	P93211	64	29063	4 (1)	4 (1)
14-3-3-like protein B OS= <i>Hordeum vulgare</i> PE=2 SV=1	Q43470	81	29787	5 (1)	5 (1)
14-3-3-like protein GF14 kappa OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GRF8 PE=1 SV=2	P48348	31	28125	5 (1)	4 (1)
14-3-3-like protein GF14 mu OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GRF9 PE=1 SV=2	Q96299	30	29616	2 (1)	2 (1)
14-3-3-like protein OS= <i>Lilium longiflorum</i> PE=2 SV=1	Q9SP07	35	29349	5 (1)	5 (1)
17.3 kDa class II heat shock protein OS= <i>Solanum peruvianum</i> PE=2 SV=1	O82013	38	17311	2 (1)	2 (1)
18.5 kDa class I heat shock protein OS= <i>Glycine max</i> GN=HSP18.5-C PE=3 SV=1	P05478	205	18491	14 (9)	7 (5)
1-aminocyclopropane-1-carboxylate oxidase homolog 10 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g43450 PE=2 SV=1	Q9LSW6	27	41192	2 (1)	2 (1)
2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase OS= <i>Mesembryanthemum crystallinum</i> GN=PGM1 PE=2 SV=1	Q42908	57	61316	5 (2)	5 (2)
20 kDa chaperonin, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPN21 PE=1 SV=2	O65282	35	26785	2 (1)	1 (1)
23.5 kDa heat shock protein, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=HSP23.5 PE=2 SV=1	Q9FGM9	30	23454	3 (1)	3 (1)
23.6 kDa heat shock protein, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=HSP23.6 PE=2 SV=1	Q96331	31	23595	3 (1)	3 (1)
26S protease regulatory subunit 4 homolog OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=TBP2 PE=2 SV=2	P46466	41	49727	3 (1)	2 (1)
26S protease regulatory subunit 6A homolog B OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPT5B PE=1 SV=3	O04019	70	47236	5 (3)	4 (2)
26S protease regulatory subunit 7 OS= <i>Spinacia oleracea</i> GN=RPT1 PE=2 SV=1	Q41365	95	48145	4 (1)	4 (1)
26S protease regulatory subunit 8 homolog A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPT6A PE=1 SV=1	Q9C5U3	71	47389	4 (3)	3 (2)
26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 13 homolog A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPN9A PE=1 SV=1	Q8RWF0	21	44368	1 (1)	1 (1)
26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14 homolog OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPN11 PE=1 SV=1	Q9LT08	46	34389	1 (1)	1 (1)

26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 2 homolog B OS=Arabidopsis thaliana GN=RPN1B PE=1 SV=1	Q6XJG8	43	98576	4 (1)	4 (1)
26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3 homolog A OS=Arabidopsis thaliana GN=RPN3A PE=1 SV=3	Q9LNU4	52	55890	8 (1)	6 (1)
26S proteasome regulatory subunit 4 homolog B OS=Arabidopsis thaliana GN=RPT2B PE=1 SV=1	Q9SL67	35	49487	2 (1)	2 (1)
2-dehydro-3-deoxyphosphooctonate aldolase OS=Pisum sativum GN=KDSA PE=2 SV=1	O50044	26	32045	3 (1)	2 (1)
2-methyl-6-phytyl-1,4-hydroquinone methyltransferase, chloroplastic OS=Spinacia oleracea PE=1 SV=1	P23525	22	39236	1 (1)	1 (1)
2-methylene-furan-3-one reductase OS=Solanum lycopersicum GN=EO PE=1 SV=1	K4BW79	54	40976	4 (2)	4 (2)
30S ribosomal protein S2, chloroplastic OS=Oenothera argillicola GN=rps2 PE=3 SV=1	B0Z4M8	31	27107	2 (1)	2 (1)
30S ribosomal protein S3, chloroplastic OS=Pelargonium hortorum GN=rps3-A PE=3 SV=1	Q06FM6	21	25246	2 (1)	2 (1)
30S ribosomal protein S4, chloroplastic OS=Stigeoclonium helveticum GN=rps4 PE=3 SV=1	Q06SJ3	37	340918	5 (1)	4 (1)
3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase-like protein 3, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g13360 PE=1 SV=2	Q9T0K7	24	46450	6 (1)	4 (1)
3-isopropylmalate dehydratase large subunit OS=Arabidopsis thaliana GN=ILL1 PE=1 SV=1	Q94AR8	42	55834	2 (1)	2 (1)
3-methyl-2-oxobutanoate hydroxymethyltransferase 2, mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=KPHMT2 PE=3 SV=1	Q9AWZ7	27	41606	1 (1)	1 (1)
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase I, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=KAS1 PE=2 SV=2	P52410	22	50895	1 (1)	1 (1)
40S ribosomal protein S13-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os08g0117200 PE=3 SV=2	Q69UI2	79	17104	4 (2)	4 (2)
40S ribosomal protein S14-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS14A PE=1 SV=1	Q9SIH0	31	16304	6 (1)	5 (1)
40S ribosomal protein S15a-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS15AD PE=2 SV=3	Q9LX88	31	14822	1 (1)	1 (1)
40S ribosomal protein S18 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS18A PE=1 SV=1	P34788	98	17591	7 (1)	5 (1)
40S ribosomal protein S19 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RPS19A PE=3 SV=1	P40978	25	16434	1 (1)	1 (1)
40S ribosomal protein S21 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RPS21 PE=3 SV=1	P35687	72	9305	3 (1)	3 (1)
40S ribosomal protein S23-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS23A PE=2 SV=2	Q9SF35	58	15931	2 (1)	2 (1)
40S ribosomal protein S25 OS=Solanum lycopersicum GN=RPS25 PE=3 SV=1	P46301	47	11907	1 (1)	1 (1)
40S ribosomal protein S27-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS27B PE=2 SV=2	Q9M2F1	43	9936	1 (1)	1 (1)
40S ribosomal protein S3-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS3C PE=1 SV=1	Q9FJA6	23	27612	2 (1)	2 (1)
40S ribosomal protein S3a OS=Nicotiana tabacum GN=cyc07 PE=2 SV=1	Q285L8	37	29880	2 (1)	2 (1)
40S ribosomal protein S4 OS=Zea mays GN=RPS4 PE=2 SV=1	O22424	70	30112	5 (3)	5 (3)
40S ribosomal protein S7-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS7A PE=2 SV=1	Q9C514	43	21909	3 (1)	2 (1)
40S ribosomal protein S8 OS=Zea mays GN=RPS8 PE=2 SV=2	Q08069	79	25155	2 (2)	2 (2)

40S ribosomal protein S9-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS9B PE=1 SV=1	Q9LXG1	28	23079	2 (1)	2 (1)
4-coumarate--CoA ligase 2 OS=Nicotiana tabacum GN=4CL2 PE=2 SV=1	O24146	29	60012	2 (1)	2 (1)
50S ribosomal protein L23, chloroplastic OS=Chara vulgaris GN=rpl23 PE=3 SV=1	Q1ACF5	25	10922	3 (1)	1 (1)
50S ribosomal protein L9, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=RPL9 PE=2 SV=2	P11894	25	21810	2 (1)	2 (1)
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=MS2 PE=1 SV=1	Q9SRV5	81	84873	6 (4)	4 (3)
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Catharanthus roseus GN=METE PE=2 SV=1	Q42699	91	85089	9 (5)	9 (5)
5'-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MTN1 PE=1 SV=1	Q9T0I8	25	28547	1 (1)	1 (1)
5-oxoprolinase OS=Arabidopsis thaliana GN=OXP1 PE=2 SV=1	Q9FIZ7	41	138584	8 (1)	7 (1)
60S acidic ribosomal protein P0 OS=Lupinus luteus PE=2 SV=1	P50345	51	34603	4 (1)	3 (1)
60S ribosomal protein L10a-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL10AC PE=1 SV=1	P59231	42	24744	3 (1)	3 (1)
60S ribosomal protein L11-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL11B PE=2 SV=2	P42794	85	21019	6 (2)	5 (2)
60S ribosomal protein L12 OS=Prunus armeniaca GN=RPL12 PE=2 SV=1	O50003	208	17986	7 (4)	5 (3)
60S ribosomal protein L13-2 OS=Brassica napus PE=2 SV=1	P41129	28	23641	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L15 OS=Petunia hybrida GN=RPL15 PE=2 SV=1	O82528	30	24198	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L17 OS=Zea mays GN=RPL17 PE=2 SV=1	O48557	48	19608	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L18-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL18C PE=2 SV=1	Q940B0	156	21011	3 (2)	2 (1)
60S ribosomal protein L19 (Fragment) OS=Zea mays GN=RPL19 PE=2 SV=1	Q08066	27	7285	1 (1)	1 (1)
60S ribosomal protein L22-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL22B PE=2 SV=1	Q9M9W1	43	14066	3 (1)	3 (1)
60S ribosomal protein L23 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL23A PE=2 SV=3	P49690	53	15188	3 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L23a OS=Nicotiana tabacum GN=RPL23A PE=2 SV=1	Q07761	87	17271	4 (2)	4 (2)
60S ribosomal protein L24 OS=Hordeum vulgare GN=RPL24 PE=2 SV=1	P50888	46	18559	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L26-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL26B PE=2 SV=1	Q9FJX2	25	16780	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L27-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL27A PE=2 SV=1	Q9SKX8	27	15632	3 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L27-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL27B PE=2 SV=2	Q8LCL3	26	15719	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L27a-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL27AB PE=2 SV=1	Q9LR33	29	16339	1 (1)	1 (1)
60S ribosomal protein L37a OS=Gossypium hirsutum GN=RPL37A PE=3 SV=1	Q9XHE4	47	10435	1 (1)	1 (1)
60S ribosomal protein L7-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL7D PE=2 SV=1	Q9LHP1	40	28473	1 (1)	1 (1)



60S ribosomal protein L7a-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL7AB PE=1 SV=1	Q9LZH9	21	29187	3 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L8-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL8B PE=2 SV=3	Q4PSL7	46	28208	2 (1)	2 (1)
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1 OS=Spinacia oleracea GN=pgdC PE=1 SV=1	Q94KU1	192	53496	8 (5)	7 (5)
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g41670 PE=1 SV=1	Q9FFR3	21	53626	2 (1)	2 (1)
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g02360 PE=2 SV=1	Q9FWA3	213	53829	9 (6)	7 (5)
ABC transporter B family member 25, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCB25 PE=1 SV=1	Q9LVM1	31	80598	6 (1)	4 (1)
ABC transporter G family member 11 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCG11 PE=1 SV=1	Q8RXN0	28	78761	3 (1)	3 (1)
ABC transporter G family member 24 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCG24 PE=2 SV=2	Q9MAG3	21	124851	6 (1)	6 (1)
ABC transporter G family member 25 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCG25 PE=2 SV=1	Q84TH5	22	73597	2 (1)	2 (1)
ABC transporter G family member 36 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCG36 PE=1 SV=1	Q9XIE2	21	165831	5 (1)	5 (1)
ABC transporter G family member 38 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCG38 PE=2 SV=1	Q7PC85	51	162057	4 (1)	4 (1)
ABC transporter G family member 40 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ABCG40 PE=3 SV=2	Q8GU85	30	166274	5 (1)	5 (1)
ABC transporter I family member 21 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCI21 PE=2 SV=1	Q9XF19	26	31568	1 (1)	1 (1)
Abietadienol/abietadienal oxidase OS=Pinus taeda GN=CYP720B1 PE=1 SV=1	Q50EK6	33	56066	4 (2)	1 (1)
Acetolactate synthase small subunit 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g31810 PE=1 SV=1	Q93YZ7	42	54068	5 (1)	5 (1)
Acetyl-CoA carboxylase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ACC1 PE=3 SV=1	Q8S6N5	22	254189	9 (1)	8 (1)
Acetyl-CoA carboxylase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACC2 PE=2 SV=1	F4I1L3	33	264216	7 (1)	6 (1)
Acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit beta, chloroplastic OS=Cucumis sativus GN=accD PE=3 SV=2	Q2QD80	27	59477	2 (1)	2 (1)
Aconitate hydratase 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=ACO2 PE=1 SV=2	Q9SIB9	104	108760	4 (3)	4 (3)
Aconitate hydratase, cytoplasmic OS=Cucurbita maxima PE=2 SV=1	P49608	24	98570	5 (1)	4 (1)
Actin OS=Mesostigma viride PE=3 SV=1	O65316	76	41791	8 (4)	8 (4)
Actin-1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=ACT1 PE=2 SV=1	A2XLF2	34	42014	8 (3)	8 (3)
Actin-1 OS=Sorghum bicolor GN=AC1 PE=2 SV=1	P53504	278	42121	11 (10)	7 (7)
Actin-104 (Fragment) OS=Nicotiana tabacum PE=3 SV=1	P93375	26	37178	5 (1)	5 (1)
Actin-2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ACT2 PE=2 SV=1	A3C6D7	188	41881	10 (9)	8 (7)
Actin-3 OS=Glycine max GN=SAC3 PE=3 SV=2	P02580	108	41810	14 (6)	10 (5)
Actin-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACT4 PE=1 SV=1	P53494	23	41980	2 (1)	2 (1)

Actin-52 (Fragment) OS=Solanum lycopersicum PE=3 SV=1	Q96484	171	37206	13 (7)	8 (6)
Actin-66 (Fragment) OS=Nicotiana tabacum PE=3 SV=1	P93372	156	37334	8 (7)	6 (5)
Actin-82 (Fragment) OS=Solanum tuberosum PE=3 SV=1	P93584	112	37323	5 (3)	5 (3)
Acyl carrier protein 1, chloroplastic OS=Casuarina glauca GN=ACP1 PE=2 SV=1	P93092	29	14514	3 (1)	2 (1)
Acyl-acyl carrier protein thioesterase ATL4, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ALT4 PE=2 SV=1	F4HX80	22	21418	2 (1)	2 (1)
Acyl-CoA-binding domain-containing protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACBP3 PE=1 SV=1	Q9STX1	21	39414	1 (1)	1 (1)
Acyl-coenzyme A oxidase, peroxisomal OS=Cucurbita maxima GN=Acx PE=1 SV=1	O64894	27	77841	1 (1)	1 (1)
Adagio-like protein 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os11g0547000 PE=2 SV=2	Q2R2W1	32	70448	4 (2)	2 (1)
ADP,ATP carrier protein 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=AAC2 PE=2 SV=2	P40941	45	41834	3 (1)	3 (1)
ADP,ATP carrier protein, mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os02g0718900 PE=2 SV=1	P31691	49	41655	5 (1)	4 (1)
ADP-ribosylation factor 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ARF1 PE=1 SV=2	P36397	74	20653	2 (1)	2 (1)
ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD1 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGD1 PE=2 SV=2	Q9FIT8	23	94401	2 (1)	2 (1)
Agmatine deiminase OS=Arabidopsis thaliana GN=AIH PE=1 SV=2	Q8GWW7	68	43527	2 (2)	2 (2)
Alanine aminotransferase 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=ALAAT2 PE=2 SV=1	Q9LDV4	95	59986	6 (2)	4 (1)
Alanine--tRNA ligase OS=Arabidopsis thaliana GN=ALATS PE=1 SV=3	P36428	21	111275	3 (1)	3 (1)
Alcohol dehydrogenase 1 OS=Pisum sativum PE=3 SV=1	P12886	104	41870	2 (2)	2 (2)
Alcohol dehydrogenase 2 OS=Zea mays GN=ADH2 PE=2 SV=1	P04707	86	41769	6 (2)	6 (2)
Alcohol dehydrogenase class-3 OS=Pisum sativum PE=1 SV=1	P80572	37	41261	4 (1)	3 (1)
Alcohol dehydrogenase OS=Malus domestica GN=ADH PE=2 SV=1	P48977	76	42066	6 (3)	5 (2)
Aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 OS=Malus domestica PE=1 SV=3	Q9ZPB7	33	54894	7 (1)	3 (1)
Aldehyde dehydrogenase OS=Craterostigma plantagineum GN=ALDH PE=1 SV=1	Q8VXQ2	22	53050	3 (1)	3 (1)
Alkane hydroxylase MAH1 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP96A15 PE=2 SV=1	Q9FVS9	30	57830	2 (1)	2 (1)
Alpha-galactosidase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGAL2 PE=1 SV=1	Q8RX86	44	44465	2 (1)	2 (1)
Alpha-galactosidase OS=Coffea arabica PE=1 SV=1	Q42656	45	41626	9 (1)	7 (1)
Alpha-galactosidase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os10g0493600 PE=1 SV=1	Q9FXT4	44	46191	5 (1)	3 (1)
Alpha-glucan water dikinase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=GWD1 PE=1 SV=2	Q9SAC6	24	157055	3 (1)	3 (1)
Alpha-glucan water dikinase, chloroplastic OS=Citrus reticulata GN=R1 PE=2 SV=1	Q8LPT9	28	165348	6 (1)	4 (1)

Alpha-mannosidase OS= <i>Canavalia ensiformis</i> PE=1 SV=1	C0HJB3	61	111405	3 (1)	3 (1)
Alpha-soluble NSF attachment protein OS= <i>Solanum tuberosum</i> PE=2 SV=1	Q9M5P8	24	32913	3 (1)	3 (1)
Aluminum-activated malate transporter 10 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ALMT10 PE=3 SV=2	O23086	24	56165	4 (1)	3 (1)
Aluminum-activated malate transporter 9 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ALMT9 PE=2 SV=1	Q9LS46	27	67859	3 (1)	3 (1)
Aminomethyltransferase, mitochondrial OS= <i>Solanum tuberosum</i> GN=GDCST PE=2 SV=1	P54260	45	44648	3 (1)	3 (1)
Aminopeptidase M1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=APM1 PE=1 SV=1	Q8VZH2	25	98744	3 (1)	3 (1)
Anaphase-promoting complex subunit 7 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=APC7 PE=2 SV=1	Q8VY89	24	62649	9 (1)	9 (1)
AP-1 complex subunit mu-2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AP1M2 PE=1 SV=1	O22715	25	49172	4 (1)	4 (1)
AP-3 complex subunit sigma OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g50860 PE=2 SV=1	Q8VZ37	26	18888	1 (1)	1 (1)
APO protein 1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=APO1 PE=2 SV=1	Q9XIR4	21	50336	1 (1)	1 (1)
Aquaporin PIP1-1 OS= <i>Zea mays</i> GN=PIP1-1 PE=1 SV=1	Q41870	23	31093	1 (1)	1 (1)
Arginase OS= <i>Glycine max</i> GN=AG1 PE=2 SV=1	O49046	39	38928	7 (2)	4 (1)
Armadillo repeat-containing kinesin-like protein 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ARK3 PE=1 SV=1	Q9FZ06	21	101224	7 (1)	7 (1)
Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] 2 OS= <i>Lotus japonicus</i> GN=AS2 PE=2 SV=2	P49093	26	66441	3 (1)	2 (1)
Aspartate aminotransferase OS= <i>Pinus pinaster</i> GN=AAT PE=1 SV=1	Q5F4K8	194	53454	3 (2)	2 (2)
Aspartate aminotransferase, cytoplasmic isozyme 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ASP2 PE=1 SV=2	P46645	102	44467	1 (1)	1 (1)
Aspartate aminotransferase, cytoplasmic OS= <i>Daucus carota</i> PE=2 SV=1	P28734	39	44375	4 (1)	3 (1)
Aspartokinase 2, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AK2 PE=1 SV=2	O23653	24	60137	5 (1)	5 (1)
AT-hook motif nuclear-localized protein 23 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AHL23 PE=1 SV=1	O23620	26	29877	1 (1)	1 (1)
ATP phosphoribosyltransferase 1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=HISN1A PE=1 SV=1	Q9S762	26	44870	3 (1)	3 (1)
ATP synthase subunit alpha, chloroplastic OS= <i>Coffea arabica</i> GN=atpA PE=3 SV=1	A0A320	80	55291	5 (2)	5 (2)
ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS= <i>Nicotiana plumbaginifolia</i> GN=ATPA PE=3 SV=1	P05495	158	55476	7 (4)	7 (4)
ATP synthase subunit beta, chloroplastic OS= <i>Ceratophyllum demersum</i> GN=atpB PE=3 SV=1	A8SEB0	341	53635	16 (13)	12 (9)
ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS= <i>Hevea brasiliensis</i> GN=ATPB PE=2 SV=1	P29685	215	60335	7 (6)	6 (5)
ATP synthase subunit beta-3, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g08680 PE=2 SV=1	Q9C5A9	36	59993	2 (1)	2 (1)
ATPase 4, plasma membrane-type OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AHA4 PE=2 SV=2	Q9SU58	37	105992	2 (1)	2 (1)
ATP-citrate synthase beta chain protein 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ACLB-2 PE=1 SV=1	Q9FGX1	87	66356	3 (2)	3 (2)

ATP-citrate synthase subunit alpha chain protein 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=ACLA-1 PE=3 SV=2	Q53JY8	31	45318	4 (1)	4 (1)
ATP-dependent Clp protease ATP-binding subunit ClpA homolog, chloroplastic (Fragment) OS= <i>Brassica napus</i> GN=CLPA PE=2 SV=1	P46523	73	97430	10 (4)	9 (3)
ATP-dependent DNA helicase Q-like 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RECQL3 PE=1 SV=1	Q9FT72	36	80863	5 (1)	3 (1)
ATP-dependent DNA helicase SRS2-like protein At4g25120 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SRS2 PE=1 SV=1	D1KF50	21	130774	5 (1)	5 (1)
ATP-dependent RNA helicase SUV3L, mitochondrial OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=H0219H12.4 PE=3 SV=1	Q011J3	27	83658	2 (1)	2 (1)
ATP-dependent zinc metalloprotease FtsH homolog OS= <i>Chlorella vulgaris</i> GN=ftsH PE=3 SV=1	P56369	31	197791	5 (1)	5 (1)
Autophagy-related protein 11 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ATG11 PE=1 SV=1	Q9SUG7	25	130528	4 (1)	4 (1)
Auxin efflux carrier component 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PIN1 PE=1 SV=1	Q9C6B8	27	67204	2 (1)	2 (1)
Auxin efflux carrier component 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PIN3 PE=1 SV=1	Q9S7Z8	24	69706	4 (1)	4 (1)
Auxin response factor 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=ARF1 PE=2 SV=1	Q5NB85	28	78024	3 (1)	3 (1)
Auxin response factor 20 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ARF20 PE=2 SV=3	Q9C7I9	21	67497	3 (1)	3 (1)
Auxin transport protein BIG OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os09g0247700 PE=2 SV=1	B9G2A8	29	560057	22 (1)	21 (1)
Auxin-induced protein PCNT115 OS= <i>Nicotiana tabacum</i> PE=2 SV=1	P40691	374	34292	15 (11)	6 (5)
Auxin-responsive protein IAA14 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=IAA14 PE=1 SV=2	Q38832	28	25141	6 (1)	6 (1)
Auxin-responsive protein IAA19 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=IAA19 PE=2 SV=1	Q6AT33	25	30257	2 (1)	2 (1)
B3 domain-containing protein At2g16210 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At2g16210 PE=2 SV=1	Q5BPT7	32	33310	3 (1)	2 (1)
B3 domain-containing protein REM16 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=REM16 PE=2 SV=1	Q8RYD1	22	39191	2 (1)	2 (1)
B3 domain-containing protein REM17 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=REM17 PE=2 SV=2	Q84WP3	47	106249	2 (1)	2 (1)
B3 domain-containing protein REM7 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=REM7 PE=2 SV=1	Q8H2D0	32	28968	1 (1)	1 (1)
Beta-1,6-galactosyltransferase GALT29A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GALT29A PE=1 SV=1	Q9SGD2	21	46419	1 (1)	1 (1)
Beta-adaptin-like protein A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BETAA-AD PE=1 SV=1	Q9LDK9	21	94119	4 (1)	3 (1)
Beta-adaptin-like protein B OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BETAB-AD PE=1 SV=1	Q9SUS3	35	100050	3 (1)	3 (1)
Beta-fructofuranosidase, insoluble isoenzyme CWINV4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CWINV4 PE=2 SV=1	Q8W413	26	67541	3 (1)	2 (1)
Beta-glucosidase 24 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BGLU24 PE=2 SV=2	Q9LKR7	39	61509	1 (1)	1 (1)
Beta-glucosidase 3 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=BGLU3 PE=2 SV=2	Q8RZL1	22	56897	1 (1)	1 (1)
Beta-glucosidase 31 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=BGLU31 PE=2 SV=1	B7F7K7	30	58696	2 (1)	2 (1)
Beta-glucosidase 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BGLU4 PE=2 SV=2	Q9ZUI3	21	58334	4 (1)	3 (1)

Beta-glucosidase 8 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=BGLU8 PE=1 SV=1	Q75I94	25	63287	2 (1)	2 (1)
Betaine aldehyde dehydrogenase, chloroplastic OS= <i>Spinacia oleracea</i> PE=1 SV=1	P17202	63	54863	2 (1)	2 (1)
Bidirectional sugar transporter SWEET7 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SWEET7 PE=1 SV=1	Q8LBF7	22	28854	2 (1)	1 (1)
Bifunctional pinorexinol-lariciresinol reductase OS= <i>Forsythia intermedia</i> GN=PLR_Fi1 PE=1 SV=1	P93143	28	35078	4 (1)	4 (1)
Biotin carboxylase 2, chloroplastic OS= <i>Populus trichocarpa</i> GN=POPTR_0018s14250g PE=2 SV=2	B9N843	30	58031	3 (1)	3 (1)
BRCA1-associated RING domain protein 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BARD1 PE=1 SV=1	F4I443	34	81122	2 (2)	1 (1)
Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BIG1 PE=2 SV=1	F4JSZ5	22	189128	5 (1)	5 (1)
Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BIG5 PE=1 SV=2	F4IXW2	40	194414	6 (1)	6 (1)
BTB/POZ domain-containing protein At1g50280 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g50280 PE=2 SV=1	Q8RXR6	29	60794	4 (1)	4 (1)
BTB/POZ domain-containing protein At5g41330 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g41330 PE=2 SV=1	Q9FN67	28	50674	2 (1)	2 (1)
Caffeic acid 3-O-methyltransferase OS= <i>Catharanthus roseus</i> GN=COMT1 PE=2 SV=1	Q8W013	40	40272	3 (1)	3 (1)
Calcium/calmodulin-dependent serine/threonine-protein kinase 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CAMK1 PE=1 SV=1	Q10KY3	26	66636	3 (1)	3 (1)
Calcium-dependent protein kinase 15 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPK15 PE=2 SV=1	O49717	21	62935	3 (1)	3 (1)
Calcium-dependent protein kinase isoform 2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CPK2 PE=2 SV=2	P53683	30	59924	4 (2)	4 (2)
Calcium-transporting ATPase 1, endoplasmic reticulum-type OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ECA1 PE=1 SV=2	P92939	23	117318	3 (1)	3 (1)
Calcium-transporting ATPase 10, plasma membrane-type OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ACA10 PE=1 SV=2	Q9SZR1	25	117469	2 (1)	2 (1)
Calcium-transporting ATPase 9, plasma membrane-type OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ACA9 PE=2 SV=2	Q9LU41	38	119377	4 (1)	3 (1)
Calmodulin-binding protein 60 E OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CBP60E PE=2 SV=1	F4IPM3	28	68440	1 (1)	1 (1)
Camelliol C synthase OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CAMS1 PE=1 SV=1	P0C8Y0	39	89353	1 (1)	1 (1)
Carbamoyl-phosphate synthase large chain, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CARB PE=2 SV=1	B9EXM2	81	128713	5 (2)	5 (2)
Carbon catabolite repressor protein 4 homolog 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CCR4-1 PE=2 SV=1	Q8W0Z9	24	67632	2 (1)	2 (1)
Carboxylesterase SOBER1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SOBER1 PE=1 SV=1	Q84WK4	24	25115	1 (1)	1 (1)
Carotenoid 9,10(9',10')-cleavage dioxygenase 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CCD1 PE=1 SV=2	O65572	23	61154	2 (1)	2 (1)
Carotenoid cleavage dioxygenase 7, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CCD7 PE=1 SV=1	Q7XJM2	21	69979	2 (1)	2 (1)
Casparian strip membrane protein 1 OS= <i>Vigna unguiculata</i> PE=2 SV=1	P0DI40	24	20383	1 (1)	1 (1)
CASP-like protein 2A1 OS= <i>Sorghum bicolor</i> GN=Sb06g005640 PE=2 SV=1	C5YDQ9	26	22057	2 (1)	1 (1)
CASP-like protein 4B3 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os03g0817100 PE=2 SV=1	B9F6Z0	26	20580	2 (1)	2 (1)

Catalase isozyme 1 (Fragment) OS=Nicotiana plumbaginifolia GN=CAT1 PE=2 SV=1	P49315	47	56214	8 (3)	6 (2)
Catalase isozyme 2 OS=Hordeum vulgare GN=CAT2 PE=2 SV=1	P55308	41	57390	2 (1)	2 (1)
Catalase OS=Ipomoea batatas PE=2 SV=1	P07145	46	57348	4 (2)	3 (1)
Catalase-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CAT2 PE=2 SV=3	P25819	59	57237	4 (1)	4 (1)
Catalase-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=CAT3 PE=1 SV=3	Q42547	131	57059	7 (4)	5 (3)
CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 24 OS=Arabidopsis thaliana GN=CIPK24 PE=1 SV=1	Q9LDI3	31	50945	3 (1)	2 (1)
CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=CIPK4 PE=1 SV=1	Q9SUL7	30	47967	3 (1)	2 (1)
CDPK-related kinase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=CRK7 PE=1 SV=1	Q9LET1	30	65020	8 (2)	5 (2)
Cell division control protein 48 homolog A OS=Arabidopsis thaliana GN=CDC48A PE=1 SV=1	P54609	122	90079	5 (2)	5 (2)
Cell division cycle protein 48 homolog OS=Capsicum annuum GN=CAFP PE=2 SV=1	Q96372	65	90017	5 (1)	5 (1)
Cellulose synthase-like protein E1 OS=Arabidopsis thaliana GN=CSLE1 PE=2 SV=1	Q8VZK9	22	83548	4 (1)	4 (1)
Chalcone synthase 1 OS=Camellia sinensis GN=CHS1 PE=2 SV=1	P48386	26	42942	6 (1)	6 (1)
Chaperone protein ClpB1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CLPB1 PE=2 SV=1	Q6F2Y7	27	101062	5 (1)	4 (1)
Chaperone protein ClpB2, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CLPB2 PE=2 SV=1	Q75GT3	21	109146	2 (1)	2 (1)
Chaperone protein ClpB3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CLPB3 PE=2 SV=1	Q9LF37	66	109047	5 (2)	5 (2)
Chaperone protein ClpC2, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CLPC2 PE=2 SV=2	Q2QVG9	22	102068	5 (1)	5 (1)
Chaperone protein dnaJ 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATJ2 PE=1 SV=2	P42825	54	47036	2 (1)	2 (1)
Chaperonin CPN60, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=CPN60 PE=1 SV=2	P29197	163	61584	4 (3)	3 (2)
Chaperonin CPN60-1, mitochondrial OS=Zea mays GN=CPN60I PE=1 SV=2	P29185	101	61458	4 (2)	4 (2)
Chitinase 8 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Cht8 PE=2 SV=1	Q7XCK6	41	27933	1 (1)	1 (1)
Chlorophyll a-b binding protein 1, chloroplastic OS=Zea mays GN=CAB1 PE=3 SV=1	P12329	39	27912	2 (2)	2 (2)
Chlorophyll a-b binding protein 36, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum GN=CAB36 PE=3 SV=1	P27494	26	28734	1 (1)	1 (1)
Chlorophyll a-b binding protein CP29.2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=LHCB4.2 PE=1 SV=1	Q9XF88	82	31231	2 (1)	2 (1)
Chlorophyll a-b binding protein L1818, chloroplastic OS=Chlamydomonas moewusii GN=L1818 PE=2 SV=1	Q03965	27	29288	1 (1)	1 (1)
Chloroplast envelope membrane 70 kDa heat shock-related protein OS=Spinacia oleracea GN=SCE70 PE=1 SV=3	P29357	318	72143	13 (9)	8 (7)
Chloroplast envelope membrane protein OS=Pinus koraiensis GN=cemA PE=3 SV=2	A4QM32	24	30325	1 (1)	1 (1)
Cilia- and flagella-associated protein 46 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=CFAP46 PE=1 SV=1	A8ICS9	23	291124	7 (1)	7 (1)

Cinnamyl alcohol dehydrogenase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=CAD7 PE=1 SV=2	Q02971	21	38677	3 (1)	3 (1)
Citrate synthase, glyoxysomal OS=Cucurbita maxima PE=1 SV=1	P49299	51	56838	5 (1)	5 (1)
Clathrin heavy chain 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=CHC1 PE=1 SV=1	Q0WVJ6	47	194433	9 (4)	8 (4)
CLP protease regulatory subunit CLPX2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=CLPX2 PE=3 SV=1	F4K7F6	22	66919	3 (2)	2 (1)
Coiled-coil domain-containing protein 39 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=CCDC39 PE=1 SV=1	A8IQE0	22	101540	8 (1)	5 (1)
COP9 signalosome complex subunit 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CSN2 PE=1 SV=1	Q8W207	24	51496	3 (1)	3 (1)
Copal-8-ol diphosphate hydratase, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum GN=CPS2 PE=1 SV=1	G3CCC0	23	94155	6 (1)	5 (1)
Copper transport protein ATX1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATX1 PE=1 SV=2	Q94BT9	112	8267	3 (2)	3 (2)
Copper transport protein CCH OS=Arabidopsis thaliana GN=CCH PE=1 SV=1	O82089	131	13077	2 (2)	1 (1)
Coproporphyrinogen-III oxidase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CPX1 PE=2 SV=1	Q9LR75	75	44111	3 (2)	3 (2)
Costars family protein At4g33640 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g33640 PE=1 SV=1	Q8LBN7	28	10470	2 (1)	2 (1)
Cullin-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=CUL4 PE=1 SV=1	Q8LGH4	34	91870	3 (1)	3 (1)
Cyanidin-3-O-glucoside 2-O-glucuronosyltransferase OS=Bellis perennis GN=UGAT PE=1 SV=1	Q5NTH0	27	50013	1 (1)	1 (1)
Cyclin-A1-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYCA1-1 PE=1 SV=1	Q9C6Y3	21	52612	3 (1)	2 (1)
Cyclin-B1-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYCB1-3 PE=2 SV=2	Q39069	27	46465	5 (1)	5 (1)
Cysteine proteinase inhibitor 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYS2 PE=2 SV=2	Q8L5T9	25	16137	1 (1)	1 (1)
Cysteine synthase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RCS3 PE=2 SV=1	Q9XE8	22	34399	4 (1)	4 (1)
Cysteine synthase, chloroplastic/chromoplastic OS=Solanum tuberosum PE=2 SV=1	O81155	25	41361	4 (1)	3 (1)
Cysteine-rich receptor-like protein kinase 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=CRK5 PE=1 SV=1	Q9C5S8	25	74267	1 (1)	1 (1)
Cysteine--tRNA ligase 2, cytoplasmic OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g38830 PE=2 SV=1	B3LFA4	25	58261	1 (1)	1 (1)
Cytochrome b5 isoform E OS=Arabidopsis thaliana GN=CYTB5-E PE=1 SV=2	Q42342	26	15132	1 (1)	1 (1)
Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic OS=Fritillaria agrestis GN=petC PE=2 SV=1	O49078	47	24624	1 (1)	1 (1)
Cytochrome b6-f complex subunit 4 OS=Coffea arabica GN=petD PE=3 SV=1	A0A366	24	17490	2 (1)	2 (1)
Cytochrome f OS=Coffea arabica GN=petA PE=3 SV=1	A0A348	53	35301	3 (1)	3 (1)
Cytochrome f OS=Illicium oligandrum GN=petA PE=3 SV=1	A6MMV7	94	34495	3 (1)	3 (1)
Cytochrome P450 714C3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CYP714C3 PE=3 SV=2	B9G934	26	58303	1 (1)	1 (1)
Cytochrome P450 71AV8 OS=Cichorium intybus GN=CYP71AV8 PE=2 SV=1	E1B2Z9	21	56442	3 (1)	3 (1)



Cytochrome P450 98A9 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP98A9 PE=1 SV=1	Q9CA60	22	55897	2 (1)	2 (1)
Cytokinin dehydrogenase 7 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CKX7 PE=3 SV=1	Q6YW50	25	57264	1 (1)	1 (1)
Cytosolic invertase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CINV1 PE=1 SV=1	Q69T31	24	63980	4 (1)	3 (1)
Cytosolic isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Arabidopsis thaliana GN=CICDH PE=2 SV=1	Q9SRZ6	176	46059	7 (5)	5 (3)
D-3-phosphoglycerate dehydrogenase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PGDH3 PE=1 SV=1	Q9LT69	62	62368	1 (1)	1 (1)
DDT domain-containing protein PTM OS=Arabidopsis thaliana GN=PTM PE=1 SV=1	F4JYC8	25	192226	4 (2)	4 (2)
Deacetoxyvindoline 4-hydroxylase OS=Catharanthus roseus GN=D4H PE=1 SV=2	O04847	27	46018	1 (1)	1 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 12 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os10g0503700 PE=2 SV=2	Q109G2	21	58484	2 (1)	2 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 22 OS=Arabidopsis thaliana GN=RH22 PE=2 SV=1	Q944S1	24	65220	8 (1)	2 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 35 OS=Arabidopsis thaliana GN=RH35 PE=2 SV=1	Q9LU46	24	66278	3 (1)	3 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 40 OS=Arabidopsis thaliana GN=RH40 PE=2 SV=1	Q9SQV1	25	119882	4 (1)	4 (1)
Delta(12)-acyl-lipid-desaturase OS=Punica granatum GN=FAD12 PE=2 SV=2	Q84VT2	25	44651	1 (1)	1 (1)
Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase OS=Mesembryanthemum crystallinum GN=P5CS PE=2 SV=1	O65361	41	78320	4 (1)	4 (1)
Delta-9 desaturase-like 4 protein OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g06350 PE=2 SV=2	Q9LMI4	32	35694	1 (1)	1 (1)
Delta-aminolevulinic acid dehydratase, chloroplastic (Fragment) OS=Pisum sativum GN=HEMB PE=1 SV=1	P30124	86	44015	6 (4)	4 (2)
DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH10 OS=Arabidopsis thaliana GN=HEN2 PE=1 SV=2	Q9ZVW2	23	112616	4 (1)	3 (1)
DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH14 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g61140 PE=2 SV=1	Q9FNQ1	24	245685	10 (1)	9 (1)
DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH4, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g58050 PE=3 SV=1	Q9C6G0	25	160835	3 (1)	2 (1)
Diaminopimelate epimerase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=DAPF PE=1 SV=1	Q9LFG2	39	39473	4 (1)	3 (1)
Dihydrolipoyl dehydrogenase 1, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=LPD1 PE=1 SV=2	Q9M5K3	100	54239	6 (1)	5 (1)
Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component 2 of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g13930 PE=2 SV=2	Q8RWN9	76	58887	3 (2)	3 (2)
Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component 4 of pyruvate dehydrogenase complex, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=LTA2 PE=2 SV=1	Q9SQI8	21	50106	3 (1)	3 (1)
Dihydropyrimidine dehydrogenase (NADP(+)), chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PYD1 PE=1 SV=1	Q9LVI9	28	47216	2 (1)	2 (1)
Dihydroxy-acid dehydratase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=DHAD PE=1 SV=1	Q9LIR4	61	65556	2 (1)	2 (1)
DIMBOA UDP-glucosyltransferase BX8 OS=Zea mays GN=Bx8 PE=1 SV=1	Q8W2B7	23	49895	3 (1)	3 (1)
Disease resistance protein RPP4 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPP4 PE=1 SV=1	F4JNA9	28	132227	3 (1)	3 (1)
Disease resistance protein RPS6 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS6 PE=1 SV=1	F4KHH8	25	129843	3 (1)	3 (1)



Disease resistance protein TAO1 OS=Arabidopsis thaliana GN=TAO1 PE=3 SV=1	Q9FI14	63	136017	4 (2)	2 (1)
Disease resistance response protein Pi176 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	P13239	67	16967	12 (5)	1 (1)
DNA (cytosine-5)-methyltransferase 2 OS=Zea mays GN=ZMET5 PE=2 SV=1	Q9ARI6	21	102603	2 (1)	2 (1)
DNA mismatch repair protein MSH6 OS=Arabidopsis thaliana GN=MSH6 PE=1 SV=2	O04716	27	148017	3 (1)	3 (1)
DNA mismatch repair protein PMS1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PMS1 PE=1 SV=1	Q941I6	24	103533	5 (1)	5 (1)
DNA polymerase zeta catalytic subunit OS=Arabidopsis thaliana GN=REV3 PE=2 SV=1	Q766Z3	24	212881	6 (1)	6 (1)
DNA repair protein RAD50 OS=Arabidopsis thaliana GN=RAD50 PE=1 SV=2	Q9SL02	24	153632	6 (1)	5 (1)
DNA replication licensing factor MCM2 OS=Arabidopsis thaliana GN=MCM2 PE=1 SV=1	Q9LPD9	24	106088	3 (1)	3 (1)
DNA-directed RNA polymerase subunit beta N-terminal section OS=Leptosira terrestris GN=rpoB1 PE=3 SV=1	A6YGD9	24	132408	4 (1)	4 (1)
DNA-directed RNA polymerase subunit beta OS=Aethionema grandiflorum GN=rpoB PE=3 SV=1	A4QJJ1	29	121553	8 (1)	6 (1)
DNA-directed RNA polymerases IV and V subunit 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=NRPD2 PE=1 SV=1	Q9LK40	21	134337	3 (1)	3 (1)
Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase subunit STT3A OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=STT3A PE=2 SV=1	Q6FZ21	30	87586	5 (1)	5 (1)
Dual specificity protein phosphatase PHS1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PHS1 PE=1 SV=1	Q75QN6	33	105082	6 (1)	5 (1)
Dynamin-related protein 5A OS=Arabidopsis thaliana GN=DRP5A PE=2 SV=1	F4HPR5	21	91471	1 (1)	1 (1)
Dynein alpha chain, flagellar outer arm OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=ODA11 PE=3 SV=2	Q39610	54	507002	18 (3)	16 (2)
E3 SUMO-protein ligase SIZ2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SIZ2 PE=2 SV=1	Q6ASW7	22	90973	2 (1)	2 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=BRE1A PE=3 SV=2	A2XW69	29	101249	24 (4)	2 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 2 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=BRE1B PE=3 SV=2	A2ZAC2	21	97293	4 (1)	4 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase PRT6 OS=Arabidopsis thaliana GN=PRT6 PE=2 SV=1	F4KCC2	26	227868	8 (1)	8 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase XB3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=XB3 PE=1 SV=1	Q65XV2	29	49312	3 (1)	3 (1)
Elicitor peptide 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PEP3 PE=3 SV=2	Q8LAX3	27	10507	1 (1)	1 (1)
Elongation factor 1-alpha OS=Solanum lycopersicum PE=2 SV=1	P17786	144	49599	12 (6)	9 (5)
Elongation factor 1-delta 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os07g0614500 PE=2 SV=3	Q40680	53	24904	2 (2)	1 (1)
Elongation factor 1-gamma OS=Prunus avium PE=2 SV=1	Q9FUM1	162	48184	4 (2)	4 (2)
Elongation factor 2 OS=Beta vulgaris PE=2 SV=1	Q23755	82	94708	13 (6)	10 (5)
Elongation factor Tu, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=TUFA PE=1 SV=1	Q9ZT91	35	49607	3 (1)	3 (1)
Elongation factor TuA, chloroplastic OS=Nicotiana glauca GN=TUFA PE=2 SV=2	Q40450	136	52152	5 (3)	4 (2)

Endochitinase CH25 OS=Brassica napus PE=2 SV=1	Q09023	29	35820	2 (1)	2 (1)
ENHANCER OF AG-4 protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=HUA2 PE=2 SV=1	Q9XER9	22	151955	4 (1)	4 (1)
Enolase 1 OS=Hevea brasiliensis GN=ENO1 PE=1 SV=1	Q9LEJ0	191	48029	11 (4)	8 (3)
Enolase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ENO1 PE=1 SV=1	Q9C9C4	129	51841	6 (4)	5 (3)
Enolase 2 OS=Hevea brasiliensis GN=ENO2 PE=1 SV=1	Q9LEI9	62	48112	5 (2)	4 (1)
Enolase OS=Ricinus communis PE=2 SV=1	P42896	419	48111	19 (13)	9 (7)
Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase [NADH], chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=MOD1 PE=1 SV=1	Q9SLA8	29	41416	5 (1)	3 (1)
Ent-kaur-16-ene synthase, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=KS1 PE=1 SV=1	Q0JA82	27	86703	2 (1)	2 (1)
Ethylene-overproduction protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ETO1 PE=1 SV=2	O65020	21	108682	4 (1)	3 (1)
Ethylene-responsive transcription factor 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ERF2 PE=2 SV=1	O80338	21	27008	1 (1)	1 (1)
Ethylene-responsive transcription factor 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=ERF4 PE=1 SV=1	O80340	24	23897	1 (1)	1 (1)
Eukaryotic initiation factor 4A-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os06g0701100 PE=2 SV=2	P35683	95	47343	9 (4)	8 (4)
Eukaryotic initiation factor 4A-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=TIF4A-2 PE=1 SV=1	P41377	30	47075	3 (1)	3 (1)
Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C OS=Arabidopsis thaliana GN=TIF3C1 PE=1 SV=2	O49160	25	103283	3 (1)	3 (1)
Eukaryotic translation initiation factor 4G OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	G5CEW6	34	162585	5 (1)	5 (1)
Eukaryotic translation initiation factor 5A OS=Manihot esculenta PE=2 SV=2	Q9AXJ4	109	17833	3 (3)	1 (1)
Eukaryotic translation initiation factor isoform 4G-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=EIF(ISO)4G2 PE=1 SV=1	O82233	63	83408	5 (1)	5 (1)
Exosome complex exonuclease RRP44 homolog A OS=Arabidopsis thaliana GN=RRP44A PE=2 SV=2	Q9SHL7	22	105615	2 (1)	2 (1)
Expansin-A6 OS=Arabidopsis thaliana GN=EXPA6 PE=2 SV=2	Q38865	32	28256	1 (1)	1 (1)
FAD synthetase, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RIBF PE=3 SV=1	Q10BX9	26	43993	2 (1)	2 (1)
Fasciclin-like arabinogalactan protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=FLA1 PE=1 SV=1	Q9FM65	23	45049	2 (1)	2 (1)
FBD-associated F-box protein At5g56380 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g56380 PE=2 SV=2	Q9FM93	23	50670	3 (1)	3 (1)
F-box protein At2g16450 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g16450 PE=2 SV=1	Q9SIV7	23	50232	1 (1)	1 (1)
F-box/kelch-repeat protein At1g16250 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g16250 PE=2 SV=1	Q0WW40	37	43779	2 (1)	2 (1)
F-box/LRR-repeat protein 17 OS=Arabidopsis thaliana GN=FBL17 PE=1 SV=1	Q8W104	21	65868	4 (1)	3 (1)
Ferredoxin-2 OS=Equisetum arvense PE=1 SV=1	P00237	29	10184	1 (1)	1 (1)
Ferredoxin-dependent glutamate synthase, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GLU PE=2 SV=2	Q69RJ0	42	176359	9 (1)	9 (1)

Ferredoxin--NADP reductase, leaf isozyme, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os06g0107700 PE=2 SV=1	P41344	77	40381	2 (1)	2 (1)
Ferritin-2, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=FER2 PE=2 SV=1	Q9SRL5	58	28360	2 (1)	2 (1)
Fimbrin-5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=FIM5 PE=1 SV=1	Q9FKI0	24	77052	3 (1)	3 (1)
FIP1[III]-like protein OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=FIPS3 PE=1 SV=1	F4JC20	22	116326	2 (1)	2 (1)
Flavin-containing monooxygenase FMO GS-OX-like 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g62600 PE=2 SV=1	Q94BV5	25	51622	2 (1)	2 (1)
Floricaula/leafy-like protein FL1 OS= <i>Pinus radiata</i> PE=1 SV=1	O04407	27	46971	3 (2)	2 (2)
Flowering time control protein FPA OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=FPA PE=2 SV=2	Q8LPQ9	24	99992	3 (1)	2 (1)
Formate dehydrogenase 1, mitochondrial OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os06g0486800 PE=1 SV=2	Q9SXP2	24	41543	2 (1)	2 (1)
Formate dehydrogenase, mitochondrial OS= <i>Hordeum vulgare</i> PE=2 SV=1	Q9ZRI8	95	41747	7 (2)	6 (2)
Formin-like protein 10 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=FH10 PE=2 SV=1	Q9SRR2	25	93638	4 (1)	4 (1)
Formin-like protein 12 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=FH12 PE=3 SV=3	Q7XWS7	24	184674	5 (1)	5 (1)
Formin-like protein 3 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=FH3 PE=2 SV=2	Q7G6K7	23	135359	4 (1)	4 (1)
Fructokinase OS= <i>Solanum tuberosum</i> PE=2 SV=1	P37829	50	33972	4 (2)	3 (1)
Fructokinase-2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=FRK2 PE=1 SV=1	Q0J8G4	27	35893	2 (1)	2 (1)
Fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic OS= <i>Oryza coarctata</i> PE=2 SV=1	Q9SDL8	27	38084	2 (1)	2 (1)
Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme 2 OS= <i>Pisum sativum</i> PE=3 SV=1	P46257	211	38638	7 (4)	5 (3)
Fruit bromelain OS= <i>Ananas comosus</i> PE=1 SV=1	O23791	25	39486	2 (1)	2 (1)
Fumarate hydratase 2, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=FUM2 PE=2 SV=1	Q9FI53	88	54506	4 (2)	3 (1)
Galacturonosyltransferase 8 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GAUT8 PE=1 SV=1	Q9LSG3	22	64612	3 (1)	2 (1)
Gamma aminobutyrate transaminase 1, mitochondrial OS= <i>Solanum lycopersicum</i> GN=GABA-TP1 PE=1 SV=1	Q84P54	116	57055	2 (1)	2 (1)
GATA transcription factor 26 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GATA26 PE=2 SV=1	Q8W4H1	28	57560	2 (1)	2 (1)
GDSL esterase/lipase LIP-4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=LIP4 PE=2 SV=1	Q9FXB6	27	42119	1 (1)	1 (1)
Germination-specific cysteine protease 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GCP1 PE=2 SV=2	Q94B08	29	42013	3 (1)	3 (1)
Germin-like protein subfamily 3 member 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g61750 PE=2 SV=1	Q9FLT3	28	23217	1 (1)	1 (1)
Glucomannan 4-beta-mannosyltransferase 9 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CSLA9 PE=2 SV=1	Q9LZR3	28	61336	4 (2)	3 (1)
Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic 1A OS= <i>Clarkia lewisii</i> GN=PGIC1-A PE=3 SV=1	P34796	84	62878	3 (3)	2 (2)
Glutamate-1-semialdehyde 2,1-aminomutase, chloroplastic OS= <i>Solanum lycopersicum</i> PE=2 SV=1	Q40147	88	51722	5 (1)	5 (1)

Glutamate--glyoxylate aminotransferase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GGAT1 PE=1 SV=1	Q9LR30	69	53780	3 (2)	3 (2)
Glutamine synthetase cytosolic isozyme OS=Daucus carota GN=GLN1 PE=2 SV=1	O22504	31	38658	2 (1)	2 (1)
Glutamine synthetase leaf isozyme, chloroplastic OS=Hordeum vulgare PE=2 SV=2	P13564	50	47406	2 (1)	2 (1)
Glutamine synthetase, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=GLN2 PE=1 SV=1	Q43127	24	47780	2 (1)	2 (1)
Glutamyl-tRNA reductase 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HEMA2 PE=2 SV=2	P49294	29	58711	3 (1)	3 (1)
Glutamyl-tRNA reductase 3, chloroplastic OS=Hordeum vulgare GN=HEMA3 PE=2 SV=1	O65796	24	58952	8 (1)	6 (1)
Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit A, chloroplastic/mitochondrial OS=Sorghum bicolor GN=GATA PE=3 SV=1	C5Y8Z8	31	57280	3 (1)	3 (1)
Glutathione gamma-glutamylcysteinyltransferase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCS1 PE=1 SV=1	Q9S7Z3	22	55409	2 (1)	2 (1)
Glutathione reductase, chloroplastic (Fragment) OS=Spinacia oleracea PE=2 SV=1	Q43154	27	52977	4 (1)	4 (1)
Glutathione S-transferase U15 OS=Arabidopsis thaliana GN=GSTU15 PE=2 SV=1	Q9LQ48	26	26689	3 (1)	3 (1)
Glutathione S-transferase U24 OS=Arabidopsis thaliana GN=GSTU24 PE=2 SV=1	Q9SHH6	24	25461	1 (1)	1 (1)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	P08477	329	33443	17 (14)	8 (8)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	Q43247	508	36597	24 (21)	12 (12)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=GAPA PE=1 SV=2	P19866	59	43338	6 (2)	6 (2)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=GAPB PE=1 SV=1	P12860	22	48552	6 (3)	5 (3)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPA1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=GAPA1 PE=1 SV=3	P25856	49	42748	6 (3)	5 (3)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPCP2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=GAPCP2 PE=2 SV=1	Q5E924	107	44989	9 (5)	4 (2)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Atriplex nummularia PE=2 SV=1	P34783	256	39415	14 (12)	9 (8)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic OS=Petroselinum crispum GN=GAPC PE=2 SV=1	P26519	157	36463	5 (3)	4 (3)
Glycerol-3-phosphate acyltransferase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ATS1 PE=2 SV=2	Q43307	25	50674	1 (1)	1 (1)
Glycine-rich RNA-binding protein OS=Daucus carota PE=2 SV=1	Q03878	81	15765	4 (2)	4 (2)
Glycine--tRNA ligase, mitochondrial 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g29880 PE=1 SV=1	O23627	33	82576	6 (1)	6 (1)
Glyoxylate/succinic semialdehyde reductase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GLYR1 PE=1 SV=1	Q9LSV0	29	30957	3 (1)	3 (1)
Granule-bound starch synthase 1, chloroplastic/amyloplastic OS=Sorghum bicolor GN=WAXY PE=2 SV=1	Q43134	30	66773	2 (1)	2 (1)
GTPase LSG1-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=LSG1-1 PE=1 SV=1	Q9SHS8	24	61005	2 (1)	2 (1)
GTP-binding nuclear protein Ran-1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=RAN1 PE=2 SV=2	A2WSI7	36	25329	1 (1)	1 (1)
Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein OS=Glycine max PE=2 SV=1	Q39836	30	35985	3 (1)	3 (1)

Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein OS=Nicotiana tabacum GN=ARCA PE=2 SV=1	P49026	21	36322	5 (1)	3 (1)
Guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GDI1 PE=1 SV=1	Q96254	71	50243	3 (2)	3 (2)
Heat shock 70 kDa protein 7, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-7 PE=2 SV=1	Q9LTX9	30	77064	5 (2)	5 (2)
Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	P11143	415	70871	23 (11)	16 (8)
Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial OS=Phaseolus vulgaris PE=2 SV=1	Q01899	114	72721	6 (4)	6 (4)
Heat shock protein 90-5, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP90-5 PE=1 SV=1	Q9SIF2	25	89064	3 (1)	3 (1)
Helicase protein MOM1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MOM1 PE=1 SV=1	Q9M658	21	220999	4 (1)	4 (1)
Helicase-like transcription factor CHR28 OS=Arabidopsis thaliana GN=CHR28 PE=1 SV=1	Q94BR5	21	109070	1 (1)	1 (1)
Hexokinase-9 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=HXK9 PE=2 SV=1	Q2KNB7	24	54690	3 (1)	3 (1)
Histidine kinase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=AHK4 PE=1 SV=1	Q9C5U0	28	121224	2 (1)	1 (1)
Histone H2B.1 OS=Zea mays PE=2 SV=3	P30755	22	16410	3 (1)	2 (1)
Histone H2B.2 OS=Solanum lycopersicum GN=H2B-2 PE=2 SV=2	O65818	72	15402	2 (1)	2 (1)
Histone H2B.3 (Fragment) OS=Solanum lycopersicum GN=H2B-3 PE=2 SV=1	O65819	21	15035	3 (1)	3 (1)
Histone H4 OS=Glycine max PE=3 SV=1	P0CG89	91	11402	2 (2)	2 (2)
Histone-lysine N-methyltransferase ASHH2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ASHH2 PE=1 SV=1	Q2LAE1	28	195218	4 (1)	4 (1)
Histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-9 specific SUVH6 OS=Arabidopsis thaliana GN=SUVH6 PE=2 SV=2	Q8VZ17	21	88903	6 (1)	3 (1)
Homeobox-leucine zipper protein HOX18 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=HOX18 PE=2 SV=1	Q5Z6F6	21	27916	2 (1)	2 (1)
Hsp70-Hsp90 organizing protein 1 OS=Glycine max GN=HOP1 PE=1 SV=2	Q43468	38	64480	5 (1)	5 (1)
IAA-amino acid hydrolase ILR1-like 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ILL1 PE=2 SV=1	Q8S9S4	30	47276	1 (1)	1 (1)
Importin subunit alpha-1a OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os01g0253300 PE=1 SV=2	Q71VM4	23	58162	1 (1)	1 (1)
Importin subunit alpha-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=IMPA2 PE=1 SV=1	F4JL11	57	59440	1 (1)	1 (1)
Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.5 OS=Arabidopsis thaliana GN=GH3.5 PE=1 SV=1	O81829	25	70037	2 (1)	2 (1)
Indoleacetaldoxime dehydratase OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP71A13 PE=1 SV=1	O49342	23	56279	3 (1)	2 (1)
Inositol-pentakisphosphate 2-kinase IPK1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=IPK1 PE=2 SV=1	Q7XQZ6	26	49818	1 (1)	1 (1)
Interactor of constitutive active ROPs 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ICR2 PE=1 SV=1	Q9ZQC5	23	65931	5 (1)	5 (1)
IQ domain-containing protein IQM4 OS=Arabidopsis thaliana GN=IQM4 PE=2 SV=1	O64851	26	60849	4 (1)	2 (1)
Iron-sulfur cluster assembly protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ISU1 PE=2 SV=1	O49627	26	18074	2 (1)	2 (1)

Isocitrate dehydrogenase [NAD] regulatory subunit 3, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=IDH3 PE=1 SV=1	O81796	57	40331	3 (1)	3 (1)
Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Solanum tuberosum GN=ICDH-1 PE=2 SV=1	P50217	23	47104	2 (1)	2 (1)
Isoflavone 4'-O-methyltransferase OS=Lotus japonicus GN=HI4'OMT PE=1 SV=1	Q84KK4	26	40949	3 (1)	3 (1)
Isoflavone 7-O-glucosyltransferase 1 OS=Glycine max GN=GmIF7GT1 PE=1 SV=1	A6BM07	23	52459	2 (1)	2 (1)
Isoflavone reductase homolog OS=Solanum tuberosum PE=2 SV=1	P52578	111	33831	6 (5)	1 (1)
Isoflavone reductase OS=Medicago sativa GN=IFR PE=1 SV=1	P52575	44	35605	3 (1)	3 (1)
Isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase II OS=Clarkia xantiana GN=IPI2 PE=3 SV=1	Q39664	29	33257	5 (1)	4 (1)
Jacalin-related lectin 14 OS=Arabidopsis thaliana GN=JAL14 PE=2 SV=1	F4I837	28	69176	5 (1)	5 (1)
KH domain-containing protein At4g26480 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g26480 PE=2 SV=1	Q0WLR1	32	33681	4 (2)	3 (2)
Lactoylglutathione lyase OS=Glycine max GN=GLXI PE=1 SV=1	Q9ZS21	22	21003	3 (1)	2 (1)
L-ascorbate peroxidase S, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=APXS PE=1 SV=2	Q42592	21	40497	3 (1)	3 (1)
L-ascorbate peroxidase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=APX1 PE=1 SV=2	P48534	44	27233	3 (1)	3 (1)
LEC14B protein OS=Lithospermum erythrorhizon PE=2 SV=1	Q40153	24	53529	5 (1)	5 (1)
Leghemoglobin-1 OS=Medicago sativa PE=2 SV=1	P09187	30	16045	1 (1)	1 (1)
Legumin A OS=Gossypium hirsutum GN=LEGA PE=2 SV=2	P09802	31	58902	4 (1)	3 (1)
Leucine aminopeptidase 2, chloroplastic OS=Solanum lycopersicum GN=LAPA2 PE=2 SV=1	Q42876	165	60082	5 (4)	3 (3)
Leucine aminopeptidase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g30920 PE=2 SV=2	Q944P7	56	61667	3 (1)	3 (1)
Leucine-rich repeat receptor-like protein kinase TDR OS=Arabidopsis thaliana GN=TDR PE=1 SV=1	Q9FII5	28	115803	3 (1)	3 (1)
Leucine--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g09620 PE=1 SV=1	F4I116	26	124513	2 (1)	2 (1)
Light-independent protochlorophyllide reductase subunit N OS=Chlorokybus atmophyticus GN=chIN PE=3 SV=2	Q19V53	29	54247	2 (1)	2 (1)
Light-sensor Protein kinase OS=Ceratodon purpureus GN=PHY1 PE=3 SV=3	P25848	49	147404	6 (2)	5 (1)
Linoleate 13S-lipoxygenase 2-1, chloroplastic OS=Solanum tuberosum GN=LOX2.1 PE=1 SV=1	O24370	34	102158	1 (1)	1 (1)
Lipoxygenase 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=LOX2 PE=1 SV=1	P38418	27	102552	2 (1)	2 (1)
L-lactate dehydrogenase OS=Zea mays PE=2 SV=1	P29038	73	38698	3 (1)	3 (1)
Lon protease homolog 4, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=LON4 PE=3 SV=1	Q9M9L7	22	105430	4 (1)	4 (1)
Long chain acyl-CoA synthetase 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=LACS5 PE=2 SV=1	Q9T009	26	74986	1 (1)	1 (1)
L-type lectin-domain containing receptor kinase IX.2 OS=Arabidopsis thaliana GN=LECRK92 PE=2 SV=1	Q9LSL5	21	75704	4 (1)	4 (1)

Luminal-binding protein 3 OS= <i>Zea mays</i> GN=BIPE3 PE=2 SV=1	O24581	143	73283	6 (5)	5 (4)
Lupeol synthase 5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=LUP5 PE=2 SV=1	Q9FZ12	33	88706	5 (1)	4 (1)
Lycopene epsilon cyclase, chloroplastic OS= <i>Solanum lycopersicum</i> GN=CRTL-E-1 PE=2 SV=1	O65837	24	59476	1 (1)	1 (1)
Lysine--tRNA ligase OS= <i>Solanum lycopersicum</i> GN=LYSRS PE=2 SV=1	Q43776	21	67416	4 (1)	4 (1)
MADS-box transcription factor 7 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=MADS7 PE=2 SV=2	P0C5B0	21	29038	1 (1)	1 (1)
MAG2-interacting protein 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MIP2 PE=1 SV=1	Q9FIN7	26	269838	10 (1)	8 (1)
Magnesium/proton exchanger OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MHX PE=2 SV=3	O22252	23	60210	1 (1)	1 (1)
Magnesium-chelatase subunit ChlH, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=CHLH PE=3 SV=1	B8ANF1	27	153829	6 (1)	6 (1)
Malate dehydrogenase [NADP], chloroplastic OS= <i>Mesembryanthemum crystallinum</i> GN=MDH1 PE=2 SV=1	Q05145	81	48544	3 (1)	2 (1)
Malate dehydrogenase 1, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g53240 PE=1 SV=1	Q9ZP06	140	36010	8 (4)	6 (3)
Malate dehydrogenase, cytoplasmic 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MDH1 PE=1 SV=2	P93819	21	35890	2 (1)	2 (1)
Malate dehydrogenase, cytoplasmic 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MDH2 PE=1 SV=1	P57106	75	35995	7 (4)	4 (3)
Malate dehydrogenase, cytoplasmic OS= <i>Medicago sativa</i> GN=CMDH PE=2 SV=1	O48905	141	35866	8 (4)	5 (3)
Malate dehydrogenase, glyoxysomal OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os12g0632700 PE=1 SV=3	Q42972	131	37818	11 (4)	8 (3)
Malate dehydrogenase, mitochondrial (Fragments) OS= <i>Imperata cylindrica</i> PE=1 SV=1	P84209	182	3108	4 (3)	2 (2)
Malate synthase, glyoxysomal OS= <i>Cucurbita maxima</i> PE=1 SV=1	P24571	21	65108	5 (1)	5 (1)
MATH domain and coiled-coil domain-containing protein At1g31400 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g31400 PE=2 SV=1	Q9C869	41	31638	2 (1)	2 (1)
MATH domain-containing protein At5g43560 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g43560 PE=1 SV=1	Q8RY18	23	117947	4 (1)	4 (1)
Maturase K OS= <i>Araucaria heterophylla</i> GN=matK PE=3 SV=1	Q8MDT1	23	60885	6 (1)	4 (1)
Mechanosensitive ion channel protein 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MSL4 PE=3 SV=1	Q9LPG3	28	101035	4 (1)	4 (1)
Membrane-anchored ubiquitin-fold protein 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MUB1 PE=1 SV=1	Q9MAB9	24	12927	1 (1)	1 (1)
Membrane-associated 30 kDa protein, chloroplastic OS= <i>Pisum sativum</i> GN=IM30 PE=2 SV=1	Q03943	22	35709	4 (1)	3 (1)
Methylthioalkylmalate synthase 3, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MAM3 PE=1 SV=1	Q9FN52	46	55822	2 (1)	2 (1)
Methylthioribose-1-phosphate isomerase OS= <i>Vitis vinifera</i> GN=VIT_11s0016g00830 PE=2 SV=2	D7TCD0	61	40157	1 (1)	1 (1)
Mevalonate kinase OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g27450 PE=2 SV=1	P46086	23	41017	3 (1)	3 (1)
Microtubule-associated protein SPIRAL2-like OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SP2L PE=2 SV=1	F416M4	27	90744	4 (1)	4 (1)
Mitochondrial fission 1 protein A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=FIS1A PE=1 SV=1	Q9M1J1	22	18915	2 (1)	2 (1)

Mitochondrial fission protein ELM1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ELM1 PE=1 SV=1	Q93YN4	26	47917	2 (1)	2 (1)
Mitochondrial outer membrane protein porin of 36 kDa OS=Solanum tuberosum PE=1 SV=2	P42056	30	29433	4 (2)	4 (2)
Mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=MPT3 PE=2 SV=1	Q9FMU6	31	40463	3 (1)	3 (1)
Mitogen-activated protein kinase 10 OS=Arabidopsis thaliana GN=MPK10 PE=1 SV=1	Q9M1Z5	34	45545	2 (1)	1 (1)
Mitogen-activated protein kinase 13 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MPK13 PE=2 SV=1	Q0E459	30	58644	2 (1)	2 (1)
Mitogen-activated protein kinase 17 OS=Arabidopsis thaliana GN=MPK17 PE=2 SV=1	Q84M93	22	56028	1 (1)	1 (1)
Mitogen-activated protein kinase 9 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MPK9 PE=3 SV=2	Q6L5D4	32	79658	2 (1)	2 (1)
Mitogen-activated protein kinase kinase kinase NPK1 OS=Nicotiana tabacum GN=NPK1 PE=1 SV=1	Q40541	29	76934	5 (1)	4 (1)
Monodehydroascorbate reductase 1, peroxisomal OS=Arabidopsis thaliana GN=MDAR1 PE=1 SV=1	Q9LFA3	50	46629	3 (1)	3 (1)
Monodehydroascorbate reductase, seedling isozyme OS=Cucumis sativus PE=2 SV=1	Q42711	131	47501	2 (2)	2 (2)
Myosin-15 OS=Arabidopsis thaliana GN=XI-I PE=1 SV=1	Q0WPU1	32	174965	13 (1)	12 (1)
Myosin-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=VIII-2 PE=2 SV=1	F4K0A6	26	139444	4 (1)	4 (1)
Myosin-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=VIII-A PE=2 SV=1	F4I507	23	130783	4 (1)	2 (1)
NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit 5, chloroplastic OS=Marchantia polymorpha GN=ndhF PE=3 SV=1	P06264	23	79626	3 (1)	3 (1)
NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit H, chloroplastic OS=Marchantia polymorpha GN=ndhH PE=3 SV=1	P12131	22	45571	7 (1)	7 (1)
NAD-dependent malic enzyme 59 kDa isoform, mitochondrial OS=Solanum tuberosum PE=1 SV=1	P37225	40	66572	3 (1)	3 (1)
NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 13-A OS=Arabidopsis thaliana GN=MEE4 PE=2 SV=1	Q8RWA7	67	16115	2 (1)	2 (1)
NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 5 (Fragment) OS=Solanum tuberosum PE=1 SV=1	P80266	43	4071	1 (1)	1 (1)
NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1, mitochondrial OS=Solanum tuberosum PE=2 SV=1	Q43644	29	80831	4 (1)	4 (1)
NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Zea mays GN=GPN1 PE=2 SV=1	Q43272	42	53740	3 (1)	3 (1)
NADP-dependent malic enzyme 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=NADP-ME2 PE=1 SV=1	Q9LYG3	95	64771	3 (3)	2 (2)
NADP-dependent malic enzyme, chloroplastic OS=Flaveria pringlei GN=MODA PE=2 SV=1	P36444	47	71444	3 (2)	3 (2)
N-carbamoylputrescine amidase OS=Solanum tuberosum GN=CPA PE=2 SV=1	Q3HVN1	28	33555	1 (1)	1 (1)
Nectarin-1 OS=Nicotiana langsdorffii x Nicotiana glauca GN=NECI PE=1 SV=1	Q94EG3	26	24778	3 (1)	3 (1)
Nematode resistance protein-like HSPRO1 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSPRO1 PE=1 SV=1	Q9LY61	23	49156	2 (1)	2 (1)
Neutral peroxidase OS=Ipomoea batatas PE=1 SV=1	O04796	36	37733	2 (1)	2 (1)
Nicotianamine synthase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=NAS1 PE=2 SV=1	Q9FF79	36	35923	3 (1)	3 (1)



Nitrate reductase [NADH] OS=Petunia hybrida GN=NIA PE=2 SV=1	P36859	21	103223	6 (1)	5 (1)
Nodulin homeobox OS=Arabidopsis thaliana GN=NDX PE=2 SV=1	F4JI44	25	102471	5 (2)	3 (1)
Non-legume hemoglobin OS=Parasponia andersonii PE=1 SV=2	P68168	72	18196	3 (1)	2 (1)
Non-specific lipid-transfer protein (Fragment) OS=Foeniculum vulgare PE=1 SV=1	B3EWP9	45	1185	3 (1)	1 (1)
Non-specific lipid-transfer protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=LTP2 PE=3 SV=1	Q9S7I3	22	12500	1 (1)	1 (1)
Non-specific phospholipase C4 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPC4 PE=1 SV=1	Q9SRQ7	25	61141	4 (1)	4 (1)
Non-specific phospholipase C6 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPC6 PE=2 SV=1	Q8H965	27	58102	1 (1)	1 (1)
Non-symbiotic hemoglobin 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=AHB1 PE=1 SV=1	O24520	37	18136	1 (1)	1 (1)
Nuclear pore complex protein NUP96 OS=Arabidopsis thaliana GN=NUP96 PE=1 SV=1	Q8LLD0	34	119820	3 (1)	2 (1)
Nuclear speckle RNA-binding protein A OS=Arabidopsis thaliana GN=NSRA PE=2 SV=1	A1A6K6	24	25575	2 (1)	2 (1)
Nuclear transcription factor Y subunit B-7 OS=Arabidopsis thaliana GN=NFYB7 PE=2 SV=1	Q9SIT9	25	24832	1 (1)	1 (1)
Nucleoside diphosphate kinase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=NDK1 PE=1 SV=1	P39207	47	16547	2 (2)	2 (2)
Nucleoside diphosphate kinase B OS=Flaveria bidentis PE=2 SV=1	P47920	82	16189	3 (3)	3 (3)
Outer dynein arm protein 1 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=ODA1 PE=1 SV=1	A8JF70	22	62223	3 (1)	3 (1)
Outer envelope protein 64, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=OEP64 PE=1 SV=1	Q9LVH5	24	64556	1 (1)	1 (1)
Oxygen-evolving enhancer protein 1, chloroplastic OS=Helianthus annuus GN=PSBO PE=1 SV=1	P85194	91	34487	8 (3)	7 (3)
Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic OS=Helianthus annuus GN=PSBP PE=1 SV=1	P85189	40	28231	3 (1)	3 (1)
Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic OS=Sinapis alba GN=PSBP PE=2 SV=2	P11594	36	28079	2 (1)	2 (1)
Oxygen-evolving enhancer protein 3, chloroplastic OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=PSBQ PE=2 SV=1	P12852	21	21811	3 (1)	2 (1)
Pathogenesis-related protein 2 OS=Petroselinum crispum GN=PR2 PE=2 SV=1	P27538	34	16847	2 (1)	1 (1)
Pectinesterase 2.1 OS=Solanum lycopersicum GN=PME2.1 PE=2 SV=2	P09607	28	60975	5 (1)	5 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g26460, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g26460 PE=2 SV=1	Q9FZD1	28	70760	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g56690, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-H69 PE=2 SV=1	Q9FXB9	21	80565	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g71490 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E67 PE=2 SV=1	Q9C9I6	21	76440	5 (1)	5 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g22070 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-H41 PE=3 SV=1	Q9SHZ8	25	88945	4 (1)	4 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g26790, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g26790 PE=3 SV=1	O81028	26	91670	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g09650, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HCF152 PE=2 SV=1	Q9SF38	32	87704	4 (1)	4 (1)

Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g13880 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E89 PE=2 SV=1	Q9LRV9	40	84394	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g24000, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-H87 PE=3 SV=1	Q9LIQ7	23	72742	5 (1)	4 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g49240 OS=Arabidopsis thaliana GN=EMB1796 PE=2 SV=1	Q9M3A8	23	71703	4 (1)	4 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g49710 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-H79 PE=2 SV=1	Q9M2Y7	28	82484	6 (1)	6 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g56550 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-H80 PE=2 SV=1	Q9LXY5	21	66156	3 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At4g19440, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g19440 PE=2 SV=2	Q940A6	27	96152	3 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At4g28010 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g28010 PE=2 SV=1	Q9SUD8	25	80370	10 (1)	5 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g13770, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g13770 PE=2 SV=1	Q66GP4	35	70434	5 (1)	4 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g27270 OS=Arabidopsis thaliana GN=EMB976 PE=2 SV=2	O04647	22	118458	4 (1)	4 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g28460 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g28460 PE=2 SV=1	Q9LKU8	33	87822	8 (1)	8 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g64320, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g64320 PE=2 SV=1	Q9FMF6	27	83159	4 (1)	4 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g67570, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=DG1 PE=1 SV=2	Q9FJW6	24	92685	3 (1)	3 (1)
Peptide deformylase 1A, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PDF1A PE=1 SV=3	Q9FV53	21	30205	2 (1)	2 (1)
Peptide methionine sulfoxide reductase A2 OS=Arabidopsis thaliana GN=MRSA2 PE=1 SV=1	Q9LY15	37	24704	1 (1)	1 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP19-3 PE=2 SV=2	Q38867	25	19136	1 (1)	1 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP19-4 PE=1 SV=2	Q8LDP4	30	21577	3 (1)	3 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP63 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP63 PE=1 SV=1	Q9LY75	29	63674	5 (1)	3 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP65 OS=Arabidopsis thaliana GN=FKBP65 PE=1 SV=1	Q9FJL3	24	65467	7 (1)	6 (1)
Peroxidase 13 OS=Arabidopsis thaliana GN=PER13 PE=3 SV=2	O49293	32	35200	2 (1)	2 (1)
Peroxidase 53 OS=Arabidopsis thaliana GN=PER53 PE=1 SV=1	Q42578	51	35480	2 (1)	1 (1)
Peroxidase 68 OS=Arabidopsis thaliana GN=PER68 PE=2 SV=1	Q9LVL1	27	36117	5 (1)	2 (1)
Peroxidase 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=PER9 PE=1 SV=1	Q96512	35	38173	2 (2)	1 (1)
Peroxidase N1 OS=Nicotiana tabacum GN=poxN1 PE=1 SV=1	Q9XIV8	73	36165	4 (1)	4 (1)
Peroxiredoxin Q, chloroplastic OS=Gentiana triflora GN=AFP1 PE=1 SV=1	Q75SY5	63	24141	4 (2)	3 (1)
Peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase OS=Spinacia oleracea PE=1 SV=1	P05414	25	40317	5 (1)	4 (1)
Peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACX1 PE=1 SV=1	O65202	29	74996	1 (1)	1 (1)
Peroxisomal fatty acid beta-oxidation multifunctional protein AIM1 OS=Arabidopsis thaliana GN=AIM1 PE=1 SV=1	Q9ZPI6	46	78208	4 (1)	4 (1)

Peroxisome biogenesis protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PEX1 PE=2 SV=2	Q9FNP1	21	124508	3 (1)	2 (1)
Peroxisome biogenesis protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=PEX5 PE=1 SV=1	Q9FMA3	32	81089	3 (1)	3 (1)
Persulfide dioxygenase ETHE1 homolog, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=GLY3 PE=1 SV=3	Q9C8L4	27	32483	2 (1)	2 (1)
Phenylalanine ammonia-lyase class 3 OS=Phaseolus vulgaris PE=3 SV=1	P19143	30	78290	2 (1)	2 (1)
Phenylalanine ammonia-lyase OS=Helianthus annuus GN=PAL PE=2 SV=2	O04058	28	72430	2 (1)	2 (1)
Phenylpropanoylacetyl-CoA synthase OS=Curcuma longa GN=DCS PE=1 SV=1	C0SVZ5	27	42363	3 (1)	3 (1)
Pheophytinase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PPH PE=1 SV=1	Q9FFZ1	30	54880	2 (1)	2 (1)
Phosphate transporter PHO1 homolog 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=PHO1-H8 PE=2 SV=1	Q6R8G2	21	87910	2 (1)	2 (1)
Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PIP5K2 PE=1 SV=2	Q8L796	22	87088	4 (1)	3 (1)
Phosphatidylserine decarboxylase proenzyme 1, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PSD1 PE=2 SV=1	Q84V22	29	50813	3 (1)	3 (1)
Phosphoacetylglucosamine mutase OS=Arabidopsis thaliana GN=DRT101 PE=1 SV=1	P57750	25	60467	4 (1)	4 (1)
Phosphoenolpyruvate carboxykinase [ATP] OS=Zea mays PE=2 SV=1	Q9SLZ0	21	73781	4 (1)	3 (1)
Phosphoenolpyruvate carboxylase 1 OS=Mesembryanthemum crystallinum GN=PPCA PE=2 SV=1	P10490	52	111160	3 (2)	3 (2)
Phosphoenolpyruvate carboxylase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=PPC4 PE=2 SV=1	Q8GVE8	25	117254	1 (1)	1 (1)
Phosphoenolpyruvate carboxylase OS=Nicotiana tabacum GN=PPC PE=2 SV=1	P27154	43	110665	4 (1)	4 (1)
Phosphoenolpyruvate carboxylase, housekeeping isozyme OS=Glycine max GN=PPC16 PE=2 SV=1	Q02909	49	111073	6 (2)	4 (2)
Phosphoglucan, water dikinase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=GWD3 PE=1 SV=1	Q6ZY51	23	132267	1 (1)	1 (1)
Phosphoglucomutase, cytoplasmic 1 OS=Zea mays PE=2 SV=2	P93804	62	63286	6 (2)	5 (2)
Phosphoglucomutase, cytoplasmic OS=Populus tremula GN=PGM1 PE=2 SV=1	Q9ZSQ4	43	63369	7 (2)	6 (2)
Phosphoglycerate kinase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PGK1 PE=1 SV=1	Q9LD57	271	50195	9 (9)	7 (7)
Phosphoglycerate kinase, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum PE=2 SV=1	Q42961	314	50317	12 (12)	7 (7)
Phosphoglycerate kinase, cytosolic OS=Nicotiana tabacum PE=2 SV=1	Q42962	210	42338	8 (7)	5 (5)
Phospholipase A1 EG1, chloroplastic OS>Oryza sativa subsp. indica GN=EG1 PE=3 SV=1	A2WY00	22	46609	3 (1)	3 (1)
Phospholipase A1-l1alpha OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g06250 PE=2 SV=1	Q9LNC2	23	48206	1 (1)	1 (1)
Phospholipase D gamma 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PLDGAMMA3 PE=1 SV=1	Q9T052	38	97934	4 (1)	4 (1)
Phospholipid-transporting ATPase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ALA2 PE=1 SV=1	P98205	26	126239	7 (1)	5 (1)
Phospholipid-transporting ATPase 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=ALA6 PE=1 SV=2	Q9SLK6	28	141267	3 (1)	3 (1)

Phosphoribulokinase (Fragments) OS=Pinus pinaster PE=1 SV=1	P81664	112	4172	2 (2)	2 (2)
Phosphoribulokinase, chloroplastic OS=Mesembryanthemum crystallinum PE=2 SV=1	P27774	21	44486	1 (1)	1 (1)
Photosystem I assembly protein Ycf4 OS=Mesostigma viride GN=ycf4 PE=3 SV=1	Q9MUN8	23	21382	2 (1)	1 (1)
Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A1 OS=Amborella trichopoda GN=psaA PE=2 SV=1	Q70Y03	29	83327	2 (1)	2 (1)
Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A2 OS=Vitis vinifera GN=psaB PE=3 SV=1	Q0ZJ21	114	82471	5 (3)	4 (3)
Photosystem I reaction center subunit II, chloroplastic OS=Solanum lycopersicum GN=psaD PE=2 SV=1	P12372	128	22961	4 (2)	3 (1)
Photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=PSAF PE=1 SV=1	P12355	22	25568	4 (1)	3 (1)
Photosystem I reaction center subunit IV A, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PSAE1 PE=1 SV=1	Q9S831	21	14958	2 (1)	2 (1)
Photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PSAN PE=1 SV=2	P49107	35	18702	1 (1)	1 (1)
Photosystem II 10 kDa polypeptide, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=PSBR PE=2 SV=1	P10690	66	14385	2 (2)	1 (1)
Photosystem II CP43 reaction center protein OS=Physcomitrella patens subsp. patens GN=psbC PE=3 SV=1	Q6YXN9	103	51994	6 (5)	4 (3)
Photosystem II CP47 reaction center protein OS=Morus indica GN=psbB PE=3 SV=1	Q09WZ1	105	56267	5 (2)	5 (2)
Photosystem II protein D1 OS=Oltmannsiellopsis viridis GN=psbA PE=3 SV=1	Q20ET2	43	39066	3 (2)	3 (2)
Phragmoplast orienting kinesin 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=POK2 PE=2 SV=1	Q27IK6	23	317659	15 (1)	15 (1)
Phytochrome 1 OS=Adiantum capillus-veneris GN=PHY1 PE=2 SV=2	P42496	21	125228	2 (1)	2 (1)
Phytosulfokine receptor 1 OS=Daucus carota GN=PSKR PE=1 SV=1	Q8LPB4	30	113112	1 (1)	1 (1)
Plant cysteine oxidase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCO2 PE=1 SV=1	Q8LGJ5	25	31313	2 (1)	2 (1)
Plant intracellular Ras-group-related LRR protein 2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=IRL2 PE=2 SV=1	Q6ZH85	25	55345	4 (1)	4 (1)
Plant intracellular Ras-group-related LRR protein 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=IRL3 PE=2 SV=3	Q7XK44	30	49201	1 (1)	1 (1)
Plant UBX domain-containing protein 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=PUX4 PE=1 SV=1	Q8RWU7	49	32991	6 (1)	4 (1)
Plastid 30S ribosomal protein S11 OS=Cuscuta gronovii GN=rps11 PE=3 SV=1	A7M929	21	15196	1 (1)	1 (1)
Plastidial pyruvate kinase 4, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PKP4 PE=2 SV=1	Q9M3B6	25	78633	5 (1)	5 (1)
P-loop NTPase domain-containing protein LPA1 homolog 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g45090 PE=2 SV=1	Q93ZS1	22	80997	1 (1)	1 (1)
P-loop NTPase domain-containing protein LPA1 homolog OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os09g0572200 PE=3 SV=1	Q651A1	30	79076	5 (1)	5 (1)
Pollen allergen Phl p 5b (Fragment) OS=Phleum pratense PE=1 SV=2	Q40963	28	28042	1 (1)	1 (1)
Poly(ADP-ribose) glycohydrolase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PARG1 PE=1 SV=2	Q9SKB3	25	62871	2 (1)	2 (1)
Polyadenylate-binding protein-interacting protein 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=CID4 PE=2 SV=1	Q94AM9	28	65954	2 (1)	2 (1)

Polyprenol reductase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g72590 PE=3 SV=1	Q9CAH5	25	36517	1 (1)	1 (1)
Potassium channel AKT2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os05g0428700 PE=2 SV=1	Q75HP9	28	95408	3 (1)	3 (1)
Pre-mRNA-splicing factor 38 OS=Arabidopsis thaliana GN=PRP38 PE=1 SV=1	Q8LB54	26	43317	2 (1)	2 (1)
Pre-mRNA-splicing factor ATP-dependent RNA helicase DEAH10 OS=Arabidopsis thaliana GN=RID1 PE=1 SV=1	F4IE66	22	80921	2 (1)	2 (1)
Probable 3-ketoacyl-CoA synthase 21 OS=Arabidopsis thaliana GN=KCS21 PE=2 SV=1	Q9FH27	24	53037	1 (1)	1 (1)
Probable aldo-keto reductase 1 OS=Glycine max GN=AKR1 PE=2 SV=1	C6TBN2	36	38457	1 (1)	1 (1)
Probable aldo-keto reductase 2 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=Osl_15387 PE=3 SV=1	A2XRZ0	337	38437	13 (10)	4 (4)
Probable aldo-keto reductase 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g60750 PE=3 SV=1	F4HPY8	264	36728	14 (9)	4 (3)
Probable aminotransferase ACS10 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACS10 PE=1 SV=1	Q9LQ10	28	61719	1 (1)	1 (1)
Probable aminotransferase TAT3 OS=Arabidopsis thaliana GN=TAT3 PE=2 SV=1	Q9SK47	26	49358	6 (1)	5 (1)
Probable apyrase 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=APY3 PE=2 SV=2	Q2QYE1	21	49212	5 (1)	4 (1)
Probable beta-1,4-xylosyltransferase IRX14 OS=Arabidopsis thaliana GN=IRX14 PE=2 SV=1	Q8L707	27	59347	3 (1)	3 (1)
Probable caffeine synthase 3 OS=Coffea arabica GN=CS3 PE=2 SV=1	Q9AVK1	25	43699	3 (1)	3 (1)
Probable calcium-binding protein CML10 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CML10 PE=2 SV=1	Q8RZB5	23	19594	2 (1)	2 (1)
Probable calcium-binding protein CML20 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CML20 PE=2 SV=1	Q6Z2J1	24	18976	1 (1)	1 (1)
Probable calcium-binding protein CML41 OS=Arabidopsis thaliana GN=CML41 PE=2 SV=2	Q8L3R2	25	23144	4 (1)	3 (1)
Probable CCR4-associated factor 1 homolog 10 OS=Arabidopsis thaliana GN=CAF1-10 PE=2 SV=1	Q9LEU4	25	31855	2 (1)	2 (1)
Probable disease resistance protein At1g58390 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g58390 PE=2 SV=4	Q8W474	29	105441	5 (1)	4 (1)
Probable disease resistance protein At5g45440 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g45440 PE=2 SV=1	Q9FHJ2	23	39593	3 (1)	3 (1)
Probable disease resistance protein RDL5 OS=Arabidopsis thaliana GN=RDL5 PE=1 SV=1	P0DI16	23	118056	5 (1)	4 (1)
Probable fructokinase-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g59480 PE=2 SV=1	Q9M1B9	23	35250	2 (1)	2 (1)
Probable fructokinase-6, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g66430 PE=2 SV=1	Q9C524	33	41730	4 (1)	3 (1)
Probable fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=FBA1 PE=1 SV=2	Q9SJU4	101	43075	2 (2)	2 (2)
Probable fructose-bisphosphate aldolase 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=FBA2 PE=1 SV=2	Q944G9	89	43132	3 (2)	3 (2)
Probable fructose-bisphosphate aldolase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=FBA3 PE=1 SV=1	Q9ZU52	75	42529	2 (1)	2 (1)
Probable GABA transporter 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g41800 PE=1 SV=1	Q8L4X4	33	50279	1 (1)	1 (1)
Probable glycosyltransferase 6 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GT6 PE=2 SV=1	Q2R2W8	35	53213	2 (1)	2 (1)

Probable histone H2A variant 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os03g0162200 PE=2 SV=1	Q8H7Y8	96	14547	1 (1)	1 (1)
Probable histone H2A.5 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=Osl_002060 PE=3 SV=1	A2WQG7	33	16391	2 (1)	2 (1)
Probable histone H2A.6 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=Osl_017523 PE=3 SV=2	A2XZN0	36	16490	1 (1)	1 (1)
Probable intracellular pathogenesis-related protein T1 OS= <i>Catharanthus roseus</i> GN=PCKR3 PE=1 SV=2	P93105	215	16983	14 (9)	2 (1)
Probable L-ascorbate peroxidase 8, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=APX8 PE=2 SV=2	Q69SV0	43	51441	9 (2)	7 (1)
Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g74360 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g74360 PE=2 SV=1	C0LGJ1	22	122901	4 (1)	4 (1)
Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g08850 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At4g08850 PE=2 SV=3	Q8VZG8	32	116149	3 (1)	2 (1)
Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At5g65240 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g65240 PE=2 SV=1	C0LGX1	25	68246	3 (1)	2 (1)
Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase RPK1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPK1 PE=1 SV=1	Q9ZRF9	36	60160	1 (1)	1 (1)
Probable lysine-specific demethylase JMJ14 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=JMJ14 PE=1 SV=1	Q8GUI6	25	109684	2 (1)	2 (1)
Probable mannan synthase 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CSLA3 PE=2 SV=1	Q9LQC9	31	65158	2 (1)	2 (1)
Probable mannitol dehydrogenase OS= <i>Mesembryanthemum crystallinum</i> GN=ELI3 PE=2 SV=1	P93257	29	39556	3 (1)	3 (1)
Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37b OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MED37B PE=1 SV=1	Q8H1B3	27	75331	4 (1)	4 (1)
Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MED37C PE=1 SV=1	Q9LHA8	226	71456	17 (8)	12 (7)
Probable metal-nicotianamine transporter YSL18 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=YSL18 PE=2 SV=1	Q941V3	27	74455	1 (1)	1 (1)
Probable methyltransferase PMT13 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At4g00740 PE=2 SV=1	Q93W95	23	68253	6 (1)	6 (1)
Probable mixed-linked glucan synthase 6 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CSLF6 PE=2 SV=1	Q84UP7	24	105826	5 (1)	5 (1)
Probable monogalactosyldiacylglycerol synthase 2, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=MGD2 PE=3 SV=2	A2YTP9	22	52548	2 (1)	2 (1)
Probable NAD(P)H dehydrogenase (quinone) FQR1-like 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At4g27270 PE=2 SV=1	Q6NQE2	27	21778	1 (1)	1 (1)
Probable pectinesterase 50 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PME50 PE=2 SV=1	Q9LY17	25	40170	4 (1)	4 (1)
Probable peroxidase 26 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PER26 PE=2 SV=2	O22862	26	38000	2 (1)	2 (1)
Probable pheophorbidase OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PPD PE=2 SV=1	O23512	21	29110	3 (1)	2 (1)
Probable phospholipase A2 homolog 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=PLA2-I PE=2 SV=1	Q9XG80	22	15558	2 (1)	1 (1)
Probable potassium transporter 16 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=HAK16 PE=2 SV=1	Q84MS3	24	92940	1 (1)	1 (1)
Probable proline transporter 2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=LOC_Os07g01090 PE=2 SV=1	Q69LA1	21	47804	1 (1)	1 (1)
Probable protein NAP1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=NAP1 PE=2 SV=1	Q6ZBH9	22	153252	8 (1)	6 (1)
Probable protein phosphatase 2C 13 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g48040 PE=2 SV=2	Q9LNF4	23	42649	1 (1)	1 (1)

Probable protein phosphatase 2C 14 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g67820 PE=2 SV=2	Q9FXE4	25	49835	3 (1)	3 (1)
Probable protein phosphatase 2C 15 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os02g0567200 PE=2 SV=1	Q6YT12	29	48611	2 (1)	2 (1)
Probable protein phosphatase 2C 59 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os06g0698300 PE=2 SV=1	Q5Z6F5	23	35204	2 (1)	2 (1)
Probable protein S-acyltransferase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PAT01 PE=2 SV=1	B3DN87	23	39499	2 (1)	2 (1)
Probable receptor-like protein kinase At3g17420 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g17420 PE=1 SV=1	Q9LRP3	28	52886	4 (1)	4 (1)
Probable ribosomal protein S11, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=NFD3 PE=2 SV=1	Q8VZT8	24	34076	4 (1)	4 (1)
Probable serine/threonine-protein kinase At1g01540 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g01540 PE=1 SV=2	Q3EDL4	24	52634	1 (1)	1 (1)
Probable serine/threonine-protein kinase CCRP1 OS=Zea mays GN=CCRP1 PE=1 SV=1	POC8M8	22	70704	2 (1)	2 (1)
Probable serine/threonine-protein kinase Cx32, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g35600 PE=1 SV=2	P27450	25	46482	3 (1)	3 (1)
Probable signal recognition particle 43 kDa protein, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os03g0131900 PE=2 SV=1	Q8LSQ2	23	42170	4 (1)	4 (1)
Probable sphingolipid transporter spinster homolog 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g65687 PE=1 SV=1	Q6NMN6	22	54044	1 (1)	1 (1)
Probable staphylococcal-like nuclease CAN1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os01g0166100 PE=2 SV=1	Q942N7	28	37335	5 (1)	4 (1)
Probable sucrose-phosphate synthase 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SPS3 PE=2 SV=1	Q67WN8	23	110020	3 (1)	1 (1)
Probable sucrose-phosphate synthase OS=Solanum tuberosum GN=SPS PE=2 SV=1	Q43845	25	119073	5 (1)	5 (1)
Probable sulfate transport system permease protein cyst OS=Zygnema circumcarinatum GN=cyst PE=3 SV=1	Q32RF7	25	32387	2 (1)	1 (1)
Probable terpene synthase 2 OS=Ricinus communis GN=TPS2 PE=3 SV=1	B9SCB6	26	64038	4 (1)	3 (1)
Probable transcriptional regulator SLK3 OS=Arabidopsis thaliana GN=SLK3 PE=3 SV=1	F4JT98	28	77362	3 (1)	3 (1)
Probable trehalose-phosphate phosphatase 5 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=TPP5 PE=3 SV=2	Q7XT34	23	39323	2 (1)	2 (1)
Probable uridine nucleosidase 2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=URH2 PE=2 SV=1	Q652Q8	35	36649	1 (1)	1 (1)
Probable V-type proton ATPase subunit H OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os07g0549700 PE=2 SV=1	Q84ZC0	25	51870	3 (1)	3 (1)
Probable WRKY transcription factor 17 OS=Arabidopsis thaliana GN=WRKY17 PE=2 SV=2	Q9SJA8	23	35332	2 (1)	2 (1)
Probable WRKY transcription factor 61 OS=Arabidopsis thaliana GN=WRKY61 PE=2 SV=1	Q8VWV6	26	53224	3 (1)	3 (1)
Probable xyloglucan endotransglucosylase/hydrolase protein B OS=Phaseolus angularis GN=XTHB PE=2 SV=1	Q8LNZ5	25	34473	1 (1)	1 (1)
Probable zinc transporter 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=ZIP8 PE=2 SV=1	Q8S3W4	31	37800	2 (1)	2 (1)
Profilin OS=Musa acuminata PE=1 SV=1	Q94JN3	75	14261	5 (2)	3 (1)
Profilin-3 OS=Olea europaea PE=1 SV=1	P0DKE2	55	14620	2 (1)	2 (1)
Profilin-6 OS=Hevea brasiliensis PE=1 SV=1	Q9LEI8	35	14112	2 (1)	2 (1)



Prohibitin-4, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PHB4 PE=1 SV=1	Q9LK25	21	30619	1 (1)	1 (1)
Prohibitin-6, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PHB6 PE=1 SV=1	Q9SIL6	25	31617	1 (1)	1 (1)
Proteasome subunit alpha type-2-B OS=Arabidopsis thaliana GN=PAB2 PE=1 SV=1	Q8L4A7	46	25717	3 (1)	2 (1)
Proteasome subunit alpha type-4 OS=Petunia hybrida GN=PAC1 PE=2 SV=1	O82530	101	27386	2 (2)	2 (2)
Proteasome subunit alpha type-5 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PAE1 PE=2 SV=1	Q9LSU1	61	26148	3 (2)	2 (2)
Proteasome subunit alpha type-6 OS=Nicotiana tabacum GN=PAA1 PE=2 SV=1	Q9XG77	41	27400	3 (1)	3 (1)
Proteasome subunit beta type-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PBF1 PE=2 SV=1	O64464	43	24608	2 (1)	2 (1)
Proteasome subunit beta type-6 OS=Arabidopsis thaliana GN=PBA1 PE=1 SV=2	Q8LD27	51	25193	2 (1)	1 (1)
Proteasome subunit beta type-7-B OS=Arabidopsis thaliana GN=PBB2 PE=1 SV=2	Q7DLS1	36	29940	1 (1)	1 (1)
Protein ABERRANT POLLEN TRANSMISSION 1 OS=Zea mays GN=APT1 PE=2 SV=1	K7VLR4	24	293096	6 (2)	4 (2)
Protein argonaute 14 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=AGO14 PE=2 SV=1	Q6Z4F1	25	114808	2 (1)	2 (1)
Protein argonaute 16 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=AGO16 PE=2 SV=2	Q6YSJ5	24	99782	3 (1)	3 (1)
Protein argonaute 1B OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=AGO1B PE=2 SV=3	Q7XSA2	42	124427	8 (2)	6 (2)
Protein argonaute 4A OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=AGO4A PE=2 SV=1	Q9SDG8	26	101545	2 (1)	2 (1)
Protein argonaute 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGO8 PE=3 SV=1	Q3E984	22	96643	2 (1)	2 (1)
Protein AUXIN-REGULATED GENE INVOLVED IN ORGAN SIZE OS=Arabidopsis thaliana GN=ARGOS PE=2 SV=1	Q6NMD6	25	14743	2 (1)	2 (1)
Protein DA1-related 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=DAR1 PE=1 SV=3	Q8W4F0	29	64579	3 (1)	3 (1)
Protein DA1-related 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=DAR3 PE=2 SV=2	Q9LVR6	26	52188	2 (1)	2 (1)
Protein disulfide isomerase-like 1-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PDIL1-3 PE=2 SV=1	Q8VX13	34	64400	2 (1)	1 (1)
Protein disulfide isomerase-like 2-2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PDIL2-2 PE=2 SV=1	Q942L2	76	41114	4 (3)	4 (3)
Protein disulfide-isomerase OS=Ricinus communis PE=2 SV=1	Q43116	25	55811	4 (1)	3 (1)
Protein DJ-1 homolog B OS=Arabidopsis thaliana GN=DJ1B PE=1 SV=1	Q9MAH3	23	47474	2 (1)	2 (1)
Protein ENHANCED DOWNY MILDEW 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=EDM2 PE=1 SV=1	F4K3G5	30	148463	6 (1)	5 (1)
Protein GAMETE EXPRESSED 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=GEX3 PE=2 SV=1	Q9LFS2	34	73807	1 (1)	1 (1)
Protein MICRORCHIDIA 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=MORC4 PE=3 SV=2	F4KAF2	30	90095	3 (1)	2 (1)
Protein MODIFIER OF SNC1 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MOS1 PE=1 SV=2	Q9SB63	23	153766	1 (1)	1 (1)
Protein MOR1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MOR1 PE=1 SV=1	Q94FN2	28	219009	9 (1)	8 (1)



Protein NEN3 OS=Arabidopsis thaliana GN=NEN3 PE=2 SV=1	Q9CA74	23	55998	2 (1)	2 (1)
Protein NETWORKED 1B OS=Arabidopsis thaliana GN=NET1B PE=2 SV=1	F4JIF4	40	197997	10 (1)	9 (1)
Protein NETWORKED 4A OS=Arabidopsis thaliana GN=NET4A PE=2 SV=1	F4KEW8	25	64311	3 (1)	2 (1)
Protein NLP5 OS=Arabidopsis thaliana GN=NLP5 PE=2 SV=1	Q9SFW8	23	91995	1 (1)	1 (1)
Protein NRT1/ PTR FAMILY 4.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPF4.1 PE=2 SV=1	Q9LSF0	23	57637	2 (1)	1 (1)
Protein NRT1/ PTR FAMILY 5.4 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPF5.4 PE=2 SV=1	Q9M1I2	25	62660	1 (1)	1 (1)
Protein NRT1/ PTR FAMILY 8.2 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPF8.2 PE=2 SV=1	Q9LFB8	25	63894	3 (1)	2 (1)
Protein phosphatase 2C 32 OS=Arabidopsis thaliana GN=POL PE=1 SV=2	Q8RWN7	25	96081	6 (1)	4 (1)
Protein POLLEN DEFECTIVE IN GUIDANCE 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=POD1 PE=1 SV=1	F4HVJ3	40	70987	1 (1)	1 (1)
Protein POLLENLESS 3-LIKE 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g51280 PE=2 SV=1	Q9SD20	25	48403	2 (1)	2 (1)
Protein RAFTIN 1A OS=Triticum aestivum GN=RAFTIN1A PE=1 SV=1	Q70KG5	26	41618	1 (1)	1 (1)
Protein ROOT HAIR DEFECTIVE 3 homolog 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os12g0604600 PE=2 SV=1	Q2QMH2	21	95529	4 (1)	2 (1)
Protein ROOT HAIR DEFECTIVE 3 homolog 2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os11g0582300 PE=2 SV=1	Q2R224	24	92351	3 (1)	3 (1)
Protein SABRE OS=Arabidopsis thaliana GN=SAB PE=1 SV=1	Q6IMT1	19	295066	4 (2)	4 (2)
Protein SCAR2 OS=Arabidopsis thaliana GN=SCAR2 PE=1 SV=1	Q5XPJ9	25	152859	3 (1)	3 (1)
Protein SPA1-RELATED 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=SPA4 PE=1 SV=1	Q94BM7	26	90099	3 (1)	2 (1)
Protein STICHEL-like 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g45720 PE=2 SV=1	F4KEM0	30	109159	2 (1)	2 (1)
Protein STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=SRF4 PE=2 SV=1	Q6R2K2	27	75378	4 (1)	4 (1)
Protein TIC 214 OS=Amborella trichopoda GN=TIC214 PE=3 SV=2	Q70XV6	35	216122	9 (1)	8 (1)
Protein TIC 55, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=TIC55 PE=1 SV=1	Q9SK50	28	61310	2 (1)	2 (1)
Protein TPLATE OS=Arabidopsis thaliana GN=TPLATE PE=1 SV=1	F4J8D3	26	132251	1 (1)	1 (1)
Protein transport protein SEC13 homolog B OS=Arabidopsis thaliana GN=SEC13B PE=1 SV=1	O64740	54	32907	3 (1)	3 (1)
Protein transport protein SEC31 homolog A OS=Arabidopsis thaliana GN=SEC31A PE=1 SV=1	F4ICD9	23	107666	4 (1)	4 (1)
Protein WEAK CHLOROPLAST MOVEMENT UNDER BLUE LIGHT-like 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=WEL1 PE=2 SV=1	Q9SZB6	22	87227	5 (1)	5 (1)
Protein Ycf2 OS=Acorus calamus GN=ycf2-A PE=3 SV=1	Q3V4Z0	26	244497	7 (1)	7 (1)
Pseudo histidine-containing phosphotransfer protein 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=AHP6 PE=1 SV=2	Q9SSC9	29	17957	1 (1)	1 (1)
Pumilio homolog 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=APUM1 PE=1 SV=1	Q9ZW07	23	107123	2 (1)	2 (1)

Pumilio homolog 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=APUM3 PE=1 SV=1	Q9ZW02	33	106547	4 (1)	4 (1)
Purple acid phosphatase 19 OS=Arabidopsis thaliana GN=PAP19 PE=2 SV=1	Q9LX83	24	44139	1 (1)	1 (1)
Putative 4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g56260 PE=1 SV=1	Q9FH13	86	17841	3 (2)	2 (1)
Putative 60S ribosomal protein L18-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL18A PE=2 SV=3	O22254	22	21095	2 (1)	2 (1)
Putative acid phosphatase PS18 (Fragment) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84734	27	1045	3 (2)	1 (1)
Putative aconitate hydratase, cytoplasmic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os08g0191100 PE=3 SV=1	Q6YZX6	98	98591	6 (3)	6 (3)
Putative acyl-activating enzyme 19 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g35930 PE=2 SV=1	F4K1G2	26	118028	4 (1)	3 (1)
Putative adagio-like protein 2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os02g0150800 PE=3 SV=1	Q67UX0	27	70203	3 (1)	2 (1)
Putative ALA-interacting subunit 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=ALIS4 PE=2 SV=2	Q9SA35	22	38447	1 (1)	1 (1)
Putative ammonium transporter 1 member 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=AMT1-5 PE=3 SV=1	Q9LK16	27	53118	1 (1)	1 (1)
Putative AP2/ERF and B3 domain-containing protein Os01g0140700 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os01g0140700 PE=3 SV=1	Q9AWS7	21	35389	2 (1)	2 (1)
Putative beta-glucosidase 35 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=BGLU35 PE=3 SV=2	Q53NF0	24	55800	3 (1)	3 (1)
Putative BTB/POZ domain-containing protein At3g49970 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g49970 PE=3 SV=1	Q9SN21	32	60457	3 (1)	2 (1)
Putative calcium-binding protein CML19 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CML19 PE=3 SV=1	Q8RYJ8	40	16475	2 (1)	2 (1)
Putative clathrin assembly protein At1g25240 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g25240 PE=3 SV=1	Q9FRH3	31	43781	3 (1)	3 (1)
Putative cyclic nucleotide-gated ion channel 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=CNGC8 PE=3 SV=2	Q9FXH6	22	86726	7 (1)	5 (1)
Putative cytochrome c oxidase subunit II PS17 (Fragments) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84733	45	1707	3 (2)	1 (1)
Putative DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 29 OS=Arabidopsis thaliana GN=RH29 PE=3 SV=1	O49289	23	93560	2 (2)	2 (2)
Putative disease resistance protein At4g10780 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g10780 PE=3 SV=1	O82484	22	103162	6 (1)	6 (1)
Putative disease resistance protein At4g11170 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g11170 PE=2 SV=1	O82500	23	127542	1 (1)	1 (1)
Putative DNA ligase 4 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=LIG4 PE=2 SV=2	Q7X7E9	24	150467	7 (1)	5 (1)
Putative F-box protein At1g53360 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g53360 PE=4 SV=3	Q3ECR3	30	45581	2 (1)	2 (1)
Putative F-box protein At1g67390 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g67390 PE=3 SV=1	Q9FYF4	27	55009	4 (1)	4 (1)
Putative F-box/LRR-repeat protein At3g59160 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g59160 PE=3 SV=1	Q9LX55	24	53536	1 (1)	1 (1)
Putative G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g61610 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g61610 PE=3 SV=1	Q9SY89	21	96462	7 (1)	5 (1)
Putative heat shock protein 2 (Fragment) OS=Pseudotsuga menziesii PE=1 SV=1	P85917	29	973	1 (1)	1 (1)
Putative inactive cysteine synthase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=OASA2 PE=5 SV=2	Q9LJA0	74	19739	3 (1)	3 (1)

Putative late blight resistance protein homolog R1C-3 OS=Solanum demissum GN=R1C-3 PE=3 SV=1	Q6L3N7	24	151336	5 (1)	5 (1)
Putative LRR disease resistance protein/transmembrane receptor kinase PS4 (Fragment) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84720	48	870	3 (2)	1 (1)
Putative pentatricopeptide repeat-containing protein At1g19290 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g19290 PE=3 SV=2	Q9LN69	23	103162	6 (1)	6 (1)
Putative phosphoglycerate kinase (Fragments) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84731	24	2858	1 (1)	1 (1)
Putative potassium transporter 12 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=HAK12 PE=2 SV=1	Q8VXB1	29	89484	17 (5)	3 (1)
Putative protein NRT1/ PTR FAMILY 2.14 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPF2.14 PE=5 SV=1	Q9CAR9	22	62881	3 (1)	3 (1)
Putative respiratory burst oxidase homolog protein G OS=Arabidopsis thaliana GN=RBOHG PE=2 SV=2	Q9SW17	25	97427	4 (1)	4 (1)
Putative transmembrane protein At3g54730 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g54730 PE=2 SV=1	P0DKG2	26	44470	1 (1)	1 (1)
Putative UPF0496 protein 5 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=OsI_032118 PE=3 SV=1	A2Z6C5	31	47815	1 (1)	1 (1)
Pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump OS=Hordeum vulgare PE=2 SV=2	Q06572	119	80108	2 (2)	2 (2)
Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha OS=Solanum tuberosum GN=PFP-ALPHA PE=1 SV=2	P21342	146	68115	3 (2)	3 (2)
Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit beta OS=Solanum tuberosum GN=PFP-BETA PE=1 SV=3	P21343	43	62456	4 (1)	4 (1)
Pyruvate decarboxylase 1 OS=Zea mays GN=PDC1 PE=2 SV=1	P28516	58	66355	4 (2)	3 (1)
Pyruvate decarboxylase 2 (Fragment) OS=Pisum sativum GN=PDC2 PE=2 SV=1	P51851	27	44621	3 (1)	3 (1)
Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, mitochondrial OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	P52902	31	43959	3 (1)	3 (1)
Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha-3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PDH-E1 ALPHA PE=2 SV=1	O24457	30	47600	4 (1)	4 (1)
Pyruvate kinase 2, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os12g0145700 PE=2 SV=1	Q2QXR8	28	57862	7 (2)	7 (2)
Pyruvate kinase, cytosolic isozyme OS=Glycine max PE=2 SV=1	Q42806	35	55951	5 (1)	5 (1)
Quinone-oxidoreductase homolog, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=QOR PE=1 SV=1	Q8H0M1	45	34847	1 (1)	1 (1)
Ras-related protein Rab11A OS=Nicotiana tabacum GN=RAB11A PE=2 SV=1	Q40523	26	24199	1 (1)	1 (1)
Ras-related protein Rab7 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	P31022	25	23317	3 (1)	2 (1)
Ras-related protein RABB1c OS=Arabidopsis thaliana GN=RABB1C PE=1 SV=1	P92963	28	23378	4 (2)	4 (2)
Receptor homology region, transmembrane domain- and RING domain-containing protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RMR2 PE=2 SV=1	Q8VZ14	29	49521	1 (1)	1 (1)
REF/SRPP-like protein OsI_017815 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=OsI_017815 PE=3 SV=1	A2Y0H2	24	26813	1 (1)	1 (1)
Regulatory-associated protein of TOR 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RAPTOR2 PE=2 SV=2	Q9LZW9	21	149371	13 (1)	3 (1)
Replication factor C subunit 4 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RFC4 PE=2 SV=2	Q7XRX1	23	37178	1 (1)	1 (1)
Retinoblastoma-related protein 1 OS=Nicotiana benthamiana GN=RBR1 PE=2 SV=1	Q66WV0	32	112748	6 (1)	5 (1)

Retinoblastoma-related protein 2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=RBR2 PE=2 SV=2	Q2R374	29	109051	2 (1)	2 (1)
Retinoblastoma-related protein OS= <i>Camellia sinensis</i> GN=pRB PE=2 SV=1	Q2ABE5	29	114412	12 (2)	5 (1)
Rhodanese-like domain-containing protein 7 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=STR7 PE=2 SV=1	Q1JPN0	28	53272	2 (1)	2 (1)
Rhomboid-like protein 19 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RBL19 PE=2 SV=1	Q8LF05	26	34233	2 (1)	1 (1)
Ribonuclease S-3 OS= <i>Pyrus pyrifolia</i> PE=1 SV=1	O80323	29	26243	1 (1)	1 (1)
Ribosomal protein S3, mitochondrial OS= <i>Marchantia polymorpha</i> GN=RPS3 PE=3 SV=2	P26865	24	50044	2 (1)	2 (1)
Ribosomal RNA small subunit methyltransferase, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=DIM1B PE=1 SV=1	Q9FK02	24	43459	3 (1)	2 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase large chain (Fragment) OS= <i>Strychnos nux-vomica</i> GN=rbcL PE=3 SV=1	P36489	143	52637	19 (6)	17 (5)
Ribulose biphosphate carboxylase large chain OS= <i>Magnolia acuminata</i> GN=rbcL PE=3 SV=1	P30732	138	53049	11 (5)	8 (4)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain 1, chloroplastic OS= <i>Glycine max</i> GN=RBCS-1 PE=3 SV=1	P00865	24	20288	2 (1)	2 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain 3, chloroplastic OS= <i>Fritillaria agrestis</i> GN=RBCS3 PE=2 SV=1	O22573	25	19887	1 (1)	1 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain 3B, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RBCS-3B PE=2 SV=2	P10798	23	20556	2 (1)	2 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain, chloroplastic OS= <i>Aegilops tauschii</i> GN=RBCS PE=2 SV=1	Q38793	28	19789	3 (1)	2 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase 1, chloroplastic OS= <i>Larrea tridentata</i> GN=RCA1 PE=1 SV=1	Q7X9A0	30	52450	3 (1)	3 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase, chloroplastic OS= <i>Zea mays</i> GN=RCA1 PE=2 SV=3	Q9ZT00	34	48079	4 (1)	4 (1)
RINT1-like protein MAG2L OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MAG2L PE=2 SV=1	Q8GXP1	31	93206	3 (1)	3 (1)
R-linalool synthase, chloroplastic OS= <i>Ocimum basilicum</i> GN=LIS PE=1 SV=1	Q5SBP3	28	66180	3 (1)	3 (1)
Rop guanine nucleotide exchange factor 10 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ROPGEF10 PE=2 SV=1	Q1KS66	21	56544	4 (1)	4 (1)
Rop guanine nucleotide exchange factor 6 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ROPGEF6 PE=2 SV=1	Q9M056	24	64703	5 (1)	4 (1)
Rop guanine nucleotide exchange factor 9 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ROPGEF9 PE=1 SV=1	Q9SVQ3	30	58251	6 (1)	5 (1)
Rubber elongation factor protein OS= <i>Hevea brasiliensis</i> PE=1 SV=2	P15252	50	14713	4 (2)	4 (2)
RuBisCO large subunit-binding protein subunit alpha (Fragment) OS= <i>Ricinus communis</i> PE=2 SV=1	P08824	144	52461	6 (2)	5 (2)
RuBisCO large subunit-binding protein subunit alpha, chloroplastic OS= <i>Brassica napus</i> PE=2 SV=1	P34794	201	61682	6 (3)	5 (2)
RuBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic OS= <i>Pisum sativum</i> PE=1 SV=2	P08927	112	63287	9 (4)	6 (3)
S-adenosylmethionine decarboxylase proenzyme 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SAMDC4 PE=1 SV=1	Q3E9D5	24	39528	3 (1)	3 (1)
S-adenosylmethionine synthase 1 OS= <i>Solanum tuberosum</i> GN=METK1 PE=2 SV=1	Q307Y9	26	43702	3 (1)	3 (1)
SART-1 family protein DOT2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=DOT2 PE=1 SV=1	Q9LFE0	25	94086	5 (1)	4 (1)

Sedoheptulose-1,7-bisphosphatase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g55800 PE=2 SV=1	P46283	33	42787	3 (1)	3 (1)
Seed biotin-containing protein SBP65 OS=Glycine max GN=SBP65 PE=2 SV=1	Q39846	25	67894	6 (1)	6 (1)
Serine carboxypeptidase-like 50 OS=Arabidopsis thaliana GN=SCPL50 PE=2 SV=1	Q9M9Q6	37	49362	4 (2)	3 (1)
Serine hydroxymethyltransferase 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=SHM2 PE=2 SV=2	Q94C74	81	57476	6 (2)	5 (2)
Serine hydroxymethyltransferase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=SHM3 PE=1 SV=2	Q94JQ3	30	58345	3 (1)	3 (1)
Serine hydroxymethyltransferase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=SHM4 PE=1 SV=1	O23254	46	52141	1 (1)	1 (1)
Serine hydroxymethyltransferase 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=SHM5 PE=3 SV=1	Q9SVM4	29	52798	2 (1)	2 (1)
Serine/arginine-rich splicing factor SR45a OS=Arabidopsis thaliana GN=SR45A PE=1 SV=1	Q84TH4	33	45236	5 (1)	5 (1)
Serine/threonine-protein kinase AGC1-5 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGC1-5 PE=1 SV=1	Q9LTW5	30	64127	4 (1)	4 (1)
Serine/threonine-protein kinase ATM OS=Arabidopsis thaliana GN=ATM PE=2 SV=1	Q9M3G7	23	439399	9 (1)	8 (1)
Serine/threonine-protein kinase ATR OS=Oryza sativa subsp. indica GN=OsI_023634 PE=3 SV=2	A2YH41	23	307630	5 (1)	5 (1)
Serine/threonine-protein kinase BRI1-like 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=BRL2 PE=1 SV=1	Q9ZPS9	33	126851	5 (1)	4 (1)
Serine/threonine-protein kinase Nek6 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=NEK6 PE=3 SV=2	Q6YY75	24	60144	1 (1)	1 (1)
Serine/threonine-protein kinase TOR OS=Arabidopsis thaliana GN=TOR PE=1 SV=1	Q9FR53	23	281237	11 (1)	10 (1)
Serine/threonine-protein phosphatase PP1 OS=Zea mays GN=PP1 PE=2 SV=1	P22198	28	36424	4 (1)	2 (1)
Serine/threonine-protein phosphatase PP2A catalytic subunit OS=Nicotiana tabacum PE=2 SV=1	Q9XGH7	58	36187	4 (2)	3 (1)
Serpin-Z1A OS=Triticum aestivum GN=WZCI PE=1 SV=1	Q41593	24	43262	2 (1)	2 (1)
SNW/SKI-interacting protein OS=Arabidopsis thaliana GN=SKIP PE=1 SV=1	O80653	49	69437	3 (1)	3 (1)
Sodium/hydrogen exchanger 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=NHX3 PE=2 SV=2	Q84WG1	21	55855	1 (1)	1 (1)
Sodium/hydrogen exchanger 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=NHX7 PE=1 SV=1	Q9LKW9	21	127678	7 (1)	7 (1)
Sorting nexin 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=SNX1 PE=1 SV=1	Q9FG38	24	46608	3 (1)	2 (1)
Soyasapogenol B glucuronide galactosyltransferase OS=Glycine max GN=GmSGT2 PE=1 SV=1	D4Q9Z4	21	55887	3 (1)	3 (1)
Spermidine synthase 1 OS=Datura stramonium PE=2 SV=1	Q96556	22	34410	4 (1)	4 (1)
SPX domain-containing membrane protein OsI_32082 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=OsI_32082 PE=3 SV=2	B8BDK8	31	78248	1 (1)	1 (1)
Squalene epoxidase 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=SQE2 PE=1 SV=1	O81000	23	65208	1 (1)	1 (1)
Squamosa promoter-binding-like protein 14 OS=Arabidopsis thaliana GN=SPL14 PE=2 SV=3	Q8RY95	38	116053	3 (1)	3 (1)
Squamosa promoter-binding-like protein 5 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SPL5 PE=2 SV=1	Q0E3F8	21	49728	3 (1)	3 (1)

Sterol 3-beta-glucosyltransferase UGT80A2 OS=Arabidopsis thaliana GN=UGT80A2 PE=1 SV=1	Q9M8Z7	31	69633	7 (1)	6 (1)
Stomatal closure-related actin-binding protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=SCAB3 PE=2 SV=1	Q8GX05	27	55340	2 (1)	2 (1)
Stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic (Fragment) OS=Spinacia oleracea GN=CHSP70 PE=2 SV=1	Q08080	113	64918	2 (2)	1 (1)
Stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=HSP70 PE=2 SV=1	Q02028	25	75583	5 (1)	5 (1)
Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=SDH1-2 PE=1 SV=1	Q9ZPX5	37	70003	4 (1)	4 (1)
Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SDH1 PE=1 SV=1	Q6ZDY8	50	69494	2 (1)	2 (1)
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial OS=Solanum lycopersicum PE=1 SV=1	Q84LB6	69	45154	7 (3)	6 (2)
Sucrose nonfermenting 4-like protein OS=Arabidopsis thaliana GN=SNF4 PE=1 SV=1	Q944A6	29	53832	2 (1)	2 (1)
Sucrose synthase (Fragment) OS=Beta vulgaris GN=SS1 PE=2 SV=1	Q42652	36	87813	6 (2)	5 (2)
Sucrose synthase 1 OS=Zea mays GN=SH-1 PE=2 SV=1	P04712	91	92073	4 (3)	4 (3)
Sucrose synthase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=SUS2 PE=2 SV=3	Q00917	25	92348	6 (1)	5 (1)
Sucrose synthase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=SUS4 PE=1 SV=1	Q9LXL5	105	93514	5 (4)	5 (4)
Sucrose synthase OS=Vicia faba GN=SUCS PE=2 SV=1	P31926	23	92862	1 (1)	1 (1)
Sucrose-phosphatase 1 OS=Nicotiana tabacum GN=SPP1 PE=2 SV=1	Q5IH14	26	48361	5 (1)	4 (1)
Sucrose-phosphatase 2 OS=Nicotiana tabacum GN=SPP2 PE=2 SV=1	Q5IH13	29	48210	3 (1)	2 (1)
Superoxide dismutase [Cu-Zn] 2 OS=Brassica juncea GN=SODCC2 PE=2 SV=3	Q42612	23	15266	1 (1)	1 (1)
Superoxide dismutase [Cu-Zn] OS=Ipomoea batatas GN=SODCC PE=2 SV=2	Q07796	62	15186	1 (1)	1 (1)
Superoxide dismutase [Fe], chloroplastic (Fragment) OS=Nicotiana plumbaginifolia GN=SODB PE=2 SV=1	P22302	70	23028	1 (1)	1 (1)
SWI/SNF complex subunit SWI3C OS=Arabidopsis thaliana GN=SWI3C PE=1 SV=1	Q9XI07	24	88936	2 (1)	2 (1)
Switch 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=SWI2 PE=3 SV=1	F4I2H2	21	99507	3 (1)	3 (1)
Syntaxin-52 OS=Arabidopsis thaliana GN=SYP52 PE=1 SV=1	Q94KK7	27	26205	6 (2)	4 (2)
T-complex protein 1 subunit beta OS=Arabidopsis thaliana GN=CCT2 PE=1 SV=1	Q940P8	22	57763	2 (1)	2 (1)
T-complex protein 1 subunit delta OS=Arabidopsis thaliana GN=CCT4 PE=1 SV=1	Q9LV21	46	58195	3 (1)	3 (1)
T-complex protein 1 subunit eta OS=Arabidopsis thaliana GN=CCT7 PE=1 SV=1	Q9SF16	56	60195	3 (1)	3 (1)
T-complex protein 1 subunit theta OS=Arabidopsis thaliana GN=CCT8 PE=1 SV=1	Q94K05	52	59472	3 (1)	3 (1)
Terpenoid synthase 20 OS=Arabidopsis thaliana GN=TPS20 PE=2 SV=2	Q9FI27	38	69189	2 (1)	2 (1)
Terpenoid synthase 25 OS=Arabidopsis thaliana GN=TPS25 PE=2 SV=2	Q9LIA1	22	70693	5 (1)	4 (1)

Tetraspanin-7 OS=Arabidopsis thaliana GN=TET7 PE=2 SV=1	Q9SUD4	50	30881	1 (1)	1 (1)
Thaumatococcus-like protein OS=Actinidia deliciosa GN=tlp PE=1 SV=2	P81370	213	25175	9 (6)	3 (3)
Thiol protease aleurain-like OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g45310 PE=2 SV=1	Q8RWQ9	69	40030	3 (1)	2 (1)
Thioredoxin M-type, chloroplastic OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	Q9ZP21	39	19690	3 (1)	2 (1)
Thioredoxin reductase NTRB OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=NTRB PE=2 SV=1	Q6ZFU6	51	34940	3 (3)	3 (3)
Thioredoxin-like 1-3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g33270 PE=2 SV=1	O22779	27	31344	1 (1)	1 (1)
TPR repeat-containing thioredoxin TTL1 OS=Arabidopsis thaliana GN=TTL1 PE=1 SV=1	Q9MAH1	21	76980	2 (1)	2 (1)
Trafficking protein particle complex II-specific subunit 130 homolog OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=TRS130 PE=2 SV=1	Q2QNU0	21	140645	3 (1)	3 (1)
Transaldolase (Fragments) OS=Capsicum annuum var. annuum PE=1 SV=1	P86071	59	2628	1 (1)	1 (1)
Trans-cinnamate 4-monooxygenase OS=Populus tremuloides GN=CYP73A13 PE=2 SV=1	O24312	22	58212	1 (1)	1 (1)
Transcription factor bHLH118 OS=Arabidopsis thaliana GN=BHLH118 PE=2 SV=1	Q9STJ7	26	18797	2 (1)	1 (1)
Transcription factor bHLH36 OS=Arabidopsis thaliana GN=BHLH36 PE=2 SV=1	Q9FLI1	36	20144	10 (2)	4 (1)
Transcription factor GTE11 OS=Arabidopsis thaliana GN=GTE11 PE=1 SV=1	Q93ZB7	25	70180	4 (1)	4 (1)
Transcription factor MYC1 OS=Arabidopsis thaliana GN=BHLH12 PE=1 SV=1	Q8W2F1	33	60463	3 (1)	3 (1)
Transcription factor PAR1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PAR1 PE=1 SV=1	Q9SJH0	28	13257	1 (1)	1 (1)
Transcription factor TCP1 OS=Arabidopsis thaliana GN=TCP1 PE=2 SV=1	Q9FYG7	28	40786	1 (1)	1 (1)
Transcription factor TCP19 OS=Arabidopsis thaliana GN=TCP19 PE=2 SV=1	Q9LT89	21	31669	1 (1)	1 (1)
Transcription initiation factor TFIID subunit 15 OS=Arabidopsis thaliana GN=TAF15 PE=1 SV=1	Q9AST1	21	41707	3 (1)	3 (1)
Transcription initiation factor TFIID subunit 15b OS=Arabidopsis thaliana GN=TAF15B PE=1 SV=1	Q94KD0	25	42746	2 (1)	2 (1)
Transketolase, chloroplastic OS=Solanum tuberosum PE=2 SV=1	Q43848	87	80341	8 (3)	6 (2)
Transketolase-1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=TKL-1 PE=1 SV=1	Q8RWV0	49	80374	6 (1)	6 (1)
Translation initiation factor IF-2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g17220 PE=2 SV=2	Q9SHI1	21	110135	6 (1)	3 (1)
Translationally-controlled tumor protein homolog OS=Brassica oleracea GN=TCTP PE=2 SV=1	Q944W6	40	19142	2 (2)	2 (2)
Trihelix transcription factor GTL1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GTL1 PE=1 SV=2	Q9C882	28	64742	7 (2)	3 (1)
Triosephosphate isomerase, cytosolic OS=Petunia hybrida GN=TPIP1 PE=2 SV=1	P48495	82	27343	2 (1)	1 (1)
Tropinone reductase homolog OS=Datura stramonium PE=2 SV=1	P50165	21	29027	3 (1)	1 (1)
Tropinone reductase-like 2 OS=Erythroxylum coca PE=2 SV=1	H9BFQ1	22	28939	1 (1)	1 (1)



Tubby-like F-box protein 5 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=TULP5 PE=2 SV=1	Q6Z2G9	23	48415	2 (1)	2 (1)
Two-component response regulator ARR2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ARR2 PE=1 SV=1	Q9ZWJ9	32	72761	3 (1)	3 (1)
U1 small nuclear ribonucleoprotein 70 kDa OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RNU1 PE=1 SV=1	Q42404	21	50415	3 (1)	2 (1)
U2 small nuclear ribonucleoprotein A' OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g09760 PE=2 SV=2	P43333	26	28024	1 (1)	1 (1)
Ubiquinone biosynthesis O-methyltransferase, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=COQ3 PE=2 SV=2	O49354	24	35538	2 (1)	2 (1)
Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 6 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UBP6 PE=1 SV=1	Q949Y0	22	54004	1 (1)	1 (1)
Ubiquitin receptor RAD23d OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RAD23D PE=1 SV=2	Q84L30	25	40098	2 (1)	2 (1)
Ubiquitin-60S ribosomal protein L40-1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPL40A PE=1 SV=1	B9DHA6	23	14952	3 (1)	3 (1)
Ubiquitin-conjugating enzyme E2 35 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UBC35 PE=1 SV=1	Q94A97	51	17238	4 (2)	3 (1)
Ubiquitin-conjugating enzyme E2 36 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UBC36 PE=1 SV=1	Q9FZ48	31	17266	3 (1)	3 (1)
Ubiquitin-conjugating enzyme E2 5B OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=UBC5B PE=2 SV=1	Q8S919	47	16606	1 (1)	1 (1)
Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UEV1C PE=1 SV=1	Q9SJ44	25	16584	4 (2)	2 (1)
Ubiquitin-NEDD8-like protein RUB1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=RUB1 PE=2 SV=2	P0C030	29	17119	3 (1)	3 (1)
U-box domain-containing protein 26 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PUB26 PE=2 SV=1	Q9FXA4	33	46561	1 (1)	1 (1)
UDP-arabinopyranose mutase 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RGP3 PE=1 SV=2	O22666	77	41768	7 (2)	7 (2)
UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AXS1 PE=1 SV=1	Q9ZUY6	46	44066	5 (2)	4 (1)
UDP-glycosyltransferase 708A6 OS= <i>Zea mays</i> GN=UGT708A6 PE=2 SV=1	A0A096SRM5	25	51027	4 (1)	4 (1)
UDP-glycosyltransferase 76F2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UGT76F2 PE=2 SV=1	Q9M051	27	52843	1 (1)	1 (1)
UDP-glycosyltransferase 85A7 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UGT85A7 PE=2 SV=1	Q9LME8	30	56218	4 (1)	3 (1)
UDP-N-acetylglucosamine diphosphorylase 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GLCNAC1PUT1 PE=1 SV=1	Q940S3	32	56584	2 (1)	2 (1)
UDP-sugar pyrophosphorylase OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=USP PE=3 SV=2	A2YGP6	22	67819	2 (1)	2 (1)
UPF0496 protein 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=OsI_010151 PE=2 SV=1	A2XDK8	26	43522	2 (1)	2 (1)
UPF0496 protein At5g66675 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g66675 PE=2 SV=1	Q8GW16	28	46741	4 (1)	4 (1)
UPF0503 protein At3g09070, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g09070 PE=1 SV=1	Q9SS80	23	75736	2 (1)	2 (1)
UPF0725 protein At4g29550 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At4g29550 PE=2 SV=1	Q8LFV1	23	41787	5 (1)	4 (1)
Uridine kinase-like protein 1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UKL1 PE=1 SV=1	Q9FKS0	24	54966	1 (1)	1 (1)
UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase OS= <i>Astragalus penduliflorus</i> GN=UGP PE=2 SV=1	Q9LKG7	177	51632	11 (5)	7 (4)



Vacuolar protein sorting-associated protein 32 homolog 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=VPS32.1 PE=1 SV=1	O82197	25	24056	1 (1)	1 (1)
Vacuolar-sorting receptor 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=VSR7 PE=2 SV=2	Q8L7E3	29	71693	3 (1)	2 (1)
V-type proton ATPase catalytic subunit A OS=Daucus carota PE=2 SV=1	P09469	602	69077	14 (10)	10 (7)
V-type proton ATPase subunit B 1 OS=Hordeum vulgare PE=2 SV=1	Q40078	187	54107	11 (5)	11 (5)
V-type proton ATPase subunit B 2 (Fragment) OS=Gossypium hirsutum PE=2 SV=1	Q43433	39	43330	5 (2)	4 (2)
V-type proton ATPase subunit C OS=Hordeum vulgare GN=VATC PE=1 SV=1	Q9SCB9	37	40131	2 (1)	2 (1)
WAT1-related protein At1g44800 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g44800 PE=1 SV=1	Q9LPF1	26	40092	3 (1)	2 (1)
WD-40 repeat-containing protein MSI5 OS=Arabidopsis thaliana GN=MSI5 PE=1 SV=2	Q9SU78	27	54588	1 (1)	1 (1)
WEB family protein At2g38370 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g38370 PE=2 SV=1	F4ISY0	41	58648	1 (1)	1 (1)
Wound-induced protein (Fragment) OS=Glycine max GN=WIN PE=2 SV=1	Q02243	48	11402	1 (1)	1 (1)
WPP domain-interacting protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=WIP2 PE=1 SV=1	Q9FH18	23	56821	1 (1)	1 (1)
WRKY transcription factor 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=WRKY1 PE=1 SV=1	Q9SI37	27	54376	5 (1)	4 (1)
WUSCHEL-related homeobox 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=WOX9 PE=2 SV=1	Q6X7J4	37	42234	3 (1)	2 (1)
Xanthine dehydrogenase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=XDH PE=2 SV=1	Q6AUV1	28	151899	5 (1)	5 (1)
Xyloglucan galactosyltransferase KATAMARI1 OS=Arabidopsis thaliana GN=KAM1 PE=1 SV=1	Q7XJ98	21	71269	2 (1)	2 (1)
Zinc finger AN1 domain-containing stress-associated protein 14 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SAP14 PE=2 SV=1	Q852K8	27	24332	3 (1)	3 (1)
Zinc finger CCCH domain-containing protein 66 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os12g0405100 PE=2 SV=1	Q2QT65	23	49544	2 (1)	1 (1)
Zinc finger protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ZFP1 PE=2 SV=1	Q42485	32	25566	3 (1)	2 (1)
Zinc finger protein ZAT10 OS=Arabidopsis thaliana GN=ZAT10 PE=2 SV=1	Q96289	28	24941	2 (1)	2 (1)

## Anexo 5. Proteínas identificadas nos geis SDS-PAGE de folhas de *Duroia macrophylla*

Proteína	Código	Score	Massa	Matches	Sequências
(DL)-glycerol-3-phosphatase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GPP1 PE=1 SV=1	F4JTE7	21	33164	6 (1)	5 (1)
10 kDa chaperonin OS=Arabidopsis thaliana GN=CPN10 PE=3 SV=1	P34893	38	10806	2 (2)	1 (1)
10 kDa late embryogenesis abundant protein OS=Helianthus annuus PE=2 SV=2	P46514	26	10031	2 (1)	2 (1)
11-beta-hydroxysteroid dehydrogenase-like 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSD2 PE=2 SV=1	Q9STY8	22	34889	1 (1)	1 (1)
11S globulin seed storage protein G3 OS=Helianthus annuus GN=HAG3 PE=3 SV=1	P19084	23	55995	2 (1)	2 (1)
14-3-3 protein 1 OS=Solanum lycopersicum GN=TFT1 PE=3 SV=2	P93206	24	28372	5 (1)	5 (1)
14-3-3-like protein GF14 epsilon OS=Arabidopsis thaliana GN=GRF10 PE=1 SV=1	P48347	26	29011	1 (1)	1 (1)
14-3-3-like protein GF14 lambda OS=Arabidopsis thaliana GN=GRF6 PE=1 SV=1	P48349	25	28072	2 (1)	2 (1)
14-3-3-like protein GF14 mu OS=Arabidopsis thaliana GN=GRF9 PE=1 SV=2	Q96299	33	29616	2 (1)	1 (1)
16.9 kDa class I heat shock protein 1 OS=Triticum aestivum GN=hsp16.9A PE=2 SV=1	P12810	25	16868	1 (1)	1 (1)
17.6 kDa class I heat shock protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP17.6C PE=2 SV=2	P13853	58	17593	3 (1)	3 (1)
18.2 kDa class I heat shock protein OS=Medicago sativa GN=HSP18.2 PE=2 SV=1	P27880	36	18154	3 (1)	3 (1)
18.5 kDa class I heat shock protein OS=Glycine max GN=HSP18.5-C PE=3 SV=1	P05478	33	18491	5 (2)	5 (2)
18.8 kDa class II heat shock protein OS=Ipomoea nil GN=SHSP-2 PE=2 SV=1	Q01545	25	18761	3 (1)	2 (1)
1-acyl-sn-glycerol-3-phosphate acyltransferase 2 OS=Brassica oleracea GN=LPAT2 PE=2 SV=1	Q6IWY1	29	44167	2 (1)	2 (1)
1-aminocyclopropane-1-carboxylate synthase OS=Dianthus caryophyllus GN=ACS2 PE=2 SV=1	P27486	24	58477	5 (1)	5 (1)
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase, chloroplastic OS=Mentha piperita GN=DXR PE=2 SV=2	Q9XES0	29	51401	4 (1)	2 (1)
2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase OS=Ricinus communis PE=1 SV=2	P35493	24	61008	4 (1)	4 (1)
2,4,6-trihydroxybenzophenone synthase OS=Hypericum androsaemum GN=BPS PE=1 SV=1	Q8SAS8	27	43143	1 (1)	1 (1)
24-methylenesterol C-methyltransferase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=SMT2 PE=1 SV=2	Q39227	31	40767	4 (1)	4 (1)
26S protease regulatory subunit 4 homolog OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=TBP2 PE=2 SV=2	P46466	35	49727	6 (1)	6 (1)
26S protease regulatory subunit 6A homolog A OS=Arabidopsis thaliana GN=RPT5A PE=1 SV=1	Q9SEI2	25	47735	3 (1)	2 (1)
26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 6 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RPN7 PE=2 SV=1	Q8W425	46	44285	2 (1)	2 (1)
28 kDa ribonucleoprotein, chloroplastic OS=Spinacia oleracea PE=1 SV=1	P28644	23	25330	2 (1)	2 (1)

2-methyl-6-phytyl-1,4-hydroquinone methyltransferase, chloroplastic OS=Spinacia oleracea PE=1 SV=1	P23525	66	39236	3 (1)	3 (1)
2-methylacyl-CoA dehydrogenase, mitochondrial OS=Solanum tuberosum GN=2MBCD PE=1 SV=2	Q9FS88	24	45627	2 (1)	2 (1)
2-methylene-furan-3-one reductase OS=Fragaria ananassa GN=EO PE=1 SV=1	Q84V25	31	34205	2 (1)	2 (1)
30S ribosomal protein S14, chloroplastic OS=Oryza sativa GN=rps14 PE=3 SV=1	P0C465	24	12361	2 (1)	2 (1)
30S ribosomal protein S15, chloroplastic OS=Chlorokybus atmophyticus GN=rps15 PE=3 SV=1	A2CI66	28	9880	1 (1)	1 (1)
30S ribosomal protein S18, chloroplastic OS=Glycine max GN=rps18 PE=3 SV=1	Q2PMR2	24	12293	1 (1)	1 (1)
30S ribosomal protein S19, chloroplastic OS=Aethionema cordifolium GN=rps19 PE=3 SV=1	A4QJF5	26	10586	3 (1)	2 (1)
30S ribosomal protein S2, chloroplastic OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=rps2-1 PE=1 SV=1	O47027	28	63234	6 (1)	3 (1)
30S ribosomal protein S3, chloroplastic OS=Chaetosphaeridium globosum GN=rps3 PE=3 SV=1	Q8M9V0	24	29532	5 (1)	5 (1)
30S ribosomal protein S6 alpha, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS6 PE=2 SV=1	Q8VY91	32	22975	1 (1)	1 (1)
30S ribosomal protein S7, chloroplastic OS=Lactuca sativa GN=rps7-A PE=3 SV=1	Q332R9	28	17276	3 (1)	3 (1)
30S ribosomal protein S8, chloroplastic OS=Coffea arabica GN=rps8 PE=3 SV=1	A0A371	60	15635	1 (1)	1 (1)
30S ribosomal protein S9, chloroplastic OS=Nephroselmis olivacea GN=rps9 PE=3 SV=1	Q9TL29	21	14986	2 (1)	2 (1)
3-hydroxy-3-methylglutaryl-coenzyme A reductase 1 OS=Solanum tuberosum GN=HMG1 PE=2 SV=1	P48020	24	64617	2 (1)	1 (1)
3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase-like protein 3, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g13360 PE=1 SV=2	Q9T0K7	45	46450	7 (1)	5 (1)
3-hydroxyisobutyryl-CoA hydrolase-like protein 4, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g24360 PE=2 SV=1	Q9LK08	45	45939	3 (1)	3 (1)
3-isopropylmalate dehydrogenase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=IMDH1 PE=2 SV=2	Q9SA14	25	43991	6 (1)	4 (1)
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase I, chloroplastic OS=Hordeum vulgare GN=KAS12 PE=1 SV=1	P23902	27	49498	3 (1)	3 (1)
40S ribosomal protein S11 OS=Euphorbia esula GN=RPS11 PE=2 SV=1	Q9M5M1	21	18005	3 (1)	3 (1)
40S ribosomal protein S14-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS14B PE=1 SV=1	Q9CAX6	113	16320	4 (2)	4 (2)
40S ribosomal protein S18 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=RPS18 PE=2 SV=1	P49202	36	17540	3 (1)	3 (1)
40S ribosomal protein S20-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS20B PE=2 SV=1	Q9STY6	129	13799	3 (2)	2 (1)
40S ribosomal protein S23-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS23A PE=2 SV=2	Q9SF35	26	15931	3 (1)	3 (1)
40S ribosomal protein S28-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS28C PE=3 SV=1	P34789	60	7336	1 (1)	1 (1)
40S ribosomal protein S4 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RPS4 PE=2 SV=3	P49398	44	29960	3 (1)	3 (1)
40S ribosomal protein S5-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS5A PE=1 SV=1	Q9ZUT9	80	23090	3 (1)	3 (1)
40S ribosomal protein S8 OS=Zea mays GN=RPS8 PE=2 SV=2	Q08069	54	25155	1 (1)	1 (1)

40S ribosomal protein SA OS=Cicer arietinum GN=RAP40 PE=2 SV=1	O65751	45	33265	3 (1)	3 (1)
4-coumarate--CoA ligase 1 OS=Petroselinum crispum GN=4CL1 PE=2 SV=1	P14912	25	60471	3 (1)	3 (1)
4-coumarate--CoA ligase-like 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=4CLL1 PE=2 SV=2	Q0DV32	31	59333	2 (1)	2 (1)
4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase (ferredoxin), chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ISPG PE=1 SV=1	F4K0E8	31	82832	6 (1)	6 (1)
4-hydroxy-3-methylbut-2-enyl diphosphate reductase, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ISPH PE=2 SV=1	Q6AVG6	44	51317	4 (1)	4 (1)
50S ribosomal protein HLP, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=HLP PE=2 SV=1	Q93Z17	22	18614	3 (1)	3 (1)
50S ribosomal protein L12, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum GN=RPL12 PE=1 SV=1	P24929	51	19635	1 (1)	1 (1)
50S ribosomal protein L14, chloroplastic OS=Mesostigma viride GN=rpl14 PE=3 SV=1	Q9MUU4	25	13421	5 (1)	5 (1)
50S ribosomal protein L16, chloroplastic OS=Huperzia lucidula GN=rpl16 PE=3 SV=1	Q5SD18	26	16081	4 (1)	3 (1)
50S ribosomal protein L22, chloroplastic OS=Illicium oligandrum GN=rpl22 PE=3 SV=1	A6MMY4	24	14098	1 (1)	1 (1)
50S ribosomal protein L23, chloroplastic OS=Chara vulgaris GN=rpl23 PE=3 SV=1	Q1ACF5	28	10922	3 (1)	2 (1)
50S ribosomal protein L9, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=RPL9 PE=2 SV=2	P11894	37	21810	1 (1)	1 (1)
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=MS2 PE=1 SV=1	Q9SRV5	30	84873	4 (2)	4 (2)
60S acidic ribosomal protein P2-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPP2A PE=2 SV=2	P51407	27	11445	3 (1)	1 (1)
60S acidic ribosomal protein P2A OS=Zea mays GN=RPP2A PE=1 SV=3	P46252	32	11470	1 (1)	1 (1)
60S ribosomal protein L10-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SC34 PE=2 SV=1	Q0ITS8	70	25729	3 (1)	3 (1)
60S ribosomal protein L11 OS=Medicago sativa GN=RPL11 PE=2 SV=1	P46287	60	20841	4 (2)	4 (2)
60S ribosomal protein L12-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL12C PE=2 SV=1	Q9FF52	100	17946	1 (1)	1 (1)
60S ribosomal protein L17 OS=Zea mays GN=RPL17 PE=2 SV=1	O48557	40	19608	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L2, mitochondrial OS=Marchantia polymorpha GN=RPL2 PE=3 SV=2	P26859	34	55989	3 (1)	3 (1)
60S ribosomal protein L23 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL23A PE=2 SV=3	P49690	22	15188	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L35a-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL35AC PE=3 SV=1	Q9C912	34	12965	1 (1)	1 (1)
60S ribosomal protein L36-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL36C PE=3 SV=1	Q9LZ57	23	12182	1 (1)	1 (1)
60S ribosomal protein L5 OS=Dunaliella salina GN=RPL5 PE=2 SV=1	O22608	31	31427	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L5, mitochondrial OS=Solanum tuberosum GN=RPL5 PE=2 SV=2	P51409	34	21400	2 (1)	2 (1)
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g41670 PE=1 SV=1	Q9FFR3	69	53626	4 (1)	4 (1)
AAA-ATPase At3g28540 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g28540 PE=2 SV=1	Q9LH82	24	59399	5 (1)	5 (1)

AAA-ATPase At3g28600 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g28600 PE=2 SV=1	F4J0C0	25	55065	1 (1)	1 (1)
ABC transporter B family member 16 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCB16 PE=2 SV=1	Q9LSJ8	24	136798	6 (1)	6 (1)
ABC transporter B family member 18 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCB18 PE=3 SV=1	Q9LSJ5	24	135187	3 (1)	3 (1)
ABC transporter B family member 19 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCB19 PE=1 SV=1	Q9LJX0	28	137215	6 (1)	4 (1)
ABC transporter C family member 13 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCC13 PE=2 SV=3	Q9SKX0	22	160048	3 (1)	3 (1)
ABC transporter D family member 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCC1 PE=1 SV=1	Q94FB9	21	150053	3 (1)	3 (1)
ABC transporter E family member 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCE3 PE=2 SV=1	Q9M0D0	24	20676	2 (1)	2 (1)
ABC transporter F family member 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCF5 PE=2 SV=1	Q9LV93	24	78294	4 (1)	4 (1)
ABC transporter G family member 25 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCG25 PE=2 SV=1	Q84TH5	27	73597	4 (1)	4 (1)
ABC transporter G family member 51 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ABCG51 PE=3 SV=1	Q8S628	23	162342	6 (1)	6 (1)
ABC transporter G family member 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCG7 PE=2 SV=1	Q9ZU35	24	79306	3 (1)	2 (1)
Abietadienol/abietadienol oxidase OS=Pinus taeda GN=CYP720B1 PE=1 SV=1	Q50EK6	25	56066	1 (1)	1 (1)
Acetyl-CoA carboxylase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACC1 PE=1 SV=1	Q38970	25	252819	5 (1)	5 (1)
Acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit alpha, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CAC3 PE=1 SV=1	Q9LD43	41	85367	7 (1)	6 (1)
Acetyl-coenzyme A carboxylase carboxyl transferase subunit beta, chloroplastic OS=Eucalyptus globulus subsp. globulus GN=accD PE=3 SV=1	Q49KY9	28	56042	6 (1)	3 (1)
Acid beta-fructofuranosidase 4, vacuolar OS=Arabidopsis thaliana GN=BFRUCT4 PE=2 SV=2	Q39041	31	74083	3 (1)	3 (1)
Aconitate hydratase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACO1 PE=1 SV=2	Q42560	109	98774	10 (4)	9 (3)
ACT domain-containing protein ACR11 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACR11 PE=1 SV=1	Q9FZ47	35	31446	1 (1)	1 (1)
Actin OS=Mesostigma viride PE=3 SV=1	O65316	155	41791	12 (5)	8 (4)
Actin-1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=ACT1 PE=2 SV=1	A2XLF2	82	42014	5 (2)	4 (2)
Actin-3 OS=Glycine max GN=SAC3 PE=3 SV=2	P02580	116	41810	10 (5)	6 (4)
Adenine nucleotide transporter BT1, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=BT1 PE=1 SV=1	Q9SUV1	24	42772	3 (1)	3 (1)
Adenosine kinase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ADK1 PE=1 SV=1	Q9SF85	37	38268	3 (1)	3 (1)
Adenosine kinase OS=Phycomitrella patens subsp. patens GN=ADK PE=2 SV=1	O49923	25	37569	5 (1)	4 (1)
Adenylosuccinate synthetase 2, chloroplastic OS=Ricinus communis GN=PURA2 PE=3 SV=1	B9SL58	55	53841	2 (1)	2 (1)
Adenylosuccinate synthetase, chloroplastic OS=Ostreococcus lucimarinus (strain CCE9901) GN=PURA PE=3 SV=1	A4RYD2	26	46850	5 (1)	5 (1)
ADP,ATP carrier protein 1, mitochondrial OS=Triticum aestivum GN=ANT-G1 PE=3 SV=1	Q41629	27	36110	6 (1)	5 (1)

ADP,ATP carrier protein 2, mitochondrial OS= <i>Zea mays</i> GN=ANT2 PE=2 SV=2	P12857	22	42477	3 (1)	3 (1)
ADP,ATP carrier protein, mitochondrial OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os02g0718900 PE=2 SV=1	P31691	24	41655	4 (1)	3 (1)
ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AGD1 PE=2 SV=2	Q9FIT8	23	94401	3 (1)	2 (1)
Agmatine deiminase OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AIH PE=1 SV=2	Q8GWW7	48	43527	2 (1)	2 (1)
Alcohol dehydrogenase 1 OS= <i>Solanum tuberosum</i> GN=ADH1 PE=2 SV=1	P14673	31	41752	2 (2)	1 (1)
Alcohol dehydrogenase 2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=ADH2 PE=2 SV=2	Q0ITW7	24	41978	3 (1)	3 (1)
Aldehyde dehydrogenase family 2 member B4, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ALDH2B4 PE=2 SV=1	Q9SU63	31	58951	2 (1)	2 (1)
Aldehyde dehydrogenase family 2 member B7, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ALDH2B7 PE=2 SV=2	Q8S528	60	58458	4 (3)	3 (3)
Aldo-keto reductase family 4 member C10 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AKR4C10 PE=1 SV=1	Q84TF0	33	35119	2 (1)	2 (1)
Alkaline/neutral invertase C, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=INVC PE=1 SV=1	B9DFA8	30	75701	7 (1)	7 (1)
Allantoate deiminase OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AAH PE=1 SV=2	O49434	26	56944	6 (1)	6 (1)
Allene oxide synthase 3 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CYP74A3 PE=2 SV=1	Q6Z6L1	23	54518	2 (1)	2 (1)
Allene oxide synthase OS= <i>Parthenium argentatum</i> GN=CYP74A2 PE=1 SV=2	Q40778	31	53557	3 (1)	3 (1)
Allene oxide synthase, chloroplastic OS= <i>Linum usitatissimum</i> GN=CYP74A PE=1 SV=1	P48417	49	59860	3 (1)	3 (1)
Alpha carbonic anhydrase 1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ACA1 PE=1 SV=2	O04846	39	33019	2 (1)	2 (1)
Alpha-aminoadipic semialdehyde synthase OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=LKR/SDH PE=1 SV=1	Q9SMZ4	21	118215	4 (1)	3 (1)
Alpha-amylase type B isozyme OS= <i>Hordeum vulgare</i> GN=AMY1.6 PE=2 SV=2	P04750	24	48135	2 (1)	2 (1)
Alpha-galactosidase 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AGAL3 PE=1 SV=1	Q8VXZ7	23	48845	1 (1)	1 (1)
Alpha-mannosidase OS= <i>Canavalia ensiformis</i> PE=1 SV=1	C0HJB3	92	111405	3 (2)	2 (1)
Aluminum-activated malate transporter 5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ALMT5 PE=1 SV=1	Q93Z29	22	60811	1 (1)	1 (1)
Aminomethyltransferase, mitochondrial OS= <i>Pisum sativum</i> GN=GDCST PE=1 SV=2	P49364	68	44656	8 (2)	5 (2)
Aminopeptidase M1-C OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os09g0362500 PE=2 SV=2	Q0J2B5	40	99134	1 (1)	1 (1)
Annexin D5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ANN5 PE=2 SV=2	Q9C9X3	22	36199	4 (1)	4 (1)
Anthocyanidin 3-O-glucoside 2'''-O-xylosyltransferase OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=A3G2XYLT PE=1 SV=1	Q9LVW3	26	52585	4 (1)	2 (1)
AP2/ERF and B3 domain-containing transcription factor RAV1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RAV1 PE=1 SV=1	Q9ZWM9	25	38687	5 (1)	4 (1)
AP-4 complex subunit epsilon OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g31730 PE=1 SV=1	Q8L7A9	28	104411	2 (1)	2 (1)
Aquaporin PIP2-5 OS= <i>Zea mays</i> GN=PIP2-5 PE=1 SV=1	Q9XF58	28	30045	1 (1)	1 (1)

Arcelin-1 OS=Phaseolus vulgaris GN=ARC1 PE=1 SV=1	P19329	26	29351	2 (1)	2 (1)
ARF guanine-nucleotide exchange factor GNL2 OS=Arabidopsis thaliana GN=GNL2 PE=2 SV=1	F4K2K3	21	157796	3 (1)	2 (1)
Arginine biosynthesis bifunctional protein ArgJ, chloroplastic OS=Vitis vinifera GN=VITISV_037692 PE=3 SV=1	A5AEC8	23	54707	6 (1)	5 (1)
Armadillo repeat-containing protein LFR OS=Arabidopsis thaliana GN=LFR PE=2 SV=1	Q9LS90	27	50423	4 (1)	3 (1)
Asparagine synthetase [glutamine-hydrolyzing] 2 OS=Lotus japonicus GN=AS2 PE=2 SV=2	P49093	28	66441	3 (1)	3 (1)
Aspartate aminotransferase OS=Pinus pinaster GN=AAT PE=1 SV=1	Q5F4K8	74	53454	2 (1)	2 (1)
Aspartate aminotransferase P2, mitochondrial (Fragment) OS=Lupinus angustifolius PE=2 SV=1	P26563	26	50056	6 (1)	4 (1)
Aspartate aminotransferase, cytoplasmic isozyme 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP4 PE=2 SV=2	P46646	21	44615	3 (1)	2 (1)
ATP synthase epsilon chain, chloroplastic OS=Coffea arabica GN=atpE PE=3 SV=1	A0A341	59	14411	2 (2)	1 (1)
ATP synthase subunit alpha, chloroplastic OS=Coffea arabica GN=atpA PE=3 SV=1	A0A320	307	55291	12 (9)	9 (6)
ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Nicotiana glauca GN=ATPA PE=3 SV=1	P05495	45	55476	10 (2)	7 (2)
ATP synthase subunit alpha, plastid OS=Cuscuta gronovii GN=atpA PE=3 SV=1	A7M8Y9	25	55399	9 (2)	7 (2)
ATP synthase subunit beta, chloroplastic OS=Coffea arabica GN=atpB PE=3 SV=1	A0A342	1288	53690	48 (35)	22 (17)
ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Zea mays GN=ATPB PE=2 SV=1	P19023	233	59181	8 (6)	6 (4)
ATP synthase subunit beta-1, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g08670 PE=1 SV=1	P83483	79	59805	4 (3)	3 (2)
ATP synthase subunit O, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g13450 PE=1 SV=2	Q96251	33	26362	4 (1)	3 (1)
ATP-citrate synthase beta chain protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACLB-1 PE=2 SV=1	Q9C522	37	66342	4 (1)	3 (1)
ATP-dependent RNA helicase DEAH11, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g01020 PE=3 SV=1	P0CE10	26	205651	4 (1)	4 (1)
ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 1, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=FTSH1 PE=2 SV=1	Q5Z974	123	72886	6 (3)	6 (3)
ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 11, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=FTSH11 PE=1 SV=1	Q9FGM0	26	89061	8 (1)	8 (1)
ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 2, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=FTSH2 PE=3 SV=1	Q655S1	35	72607	10 (2)	8 (2)
ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 5, mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=FTSH5 PE=3 SV=1	Q8LQJ8	26	77671	2 (1)	2 (1)
ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum GN=FTSH PE=2 SV=2	O82150	90	77234	6 (2)	6 (2)
AT-rich interactive domain-containing protein 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=ARID4 PE=2 SV=1	Q6NQ79	22	83940	2 (1)	2 (1)
Auxilin-related protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=AUXI1 PE=1 SV=2	Q9SU08	21	99907	3 (1)	3 (1)
Auxin efflux carrier component 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PIN2 PE=1 SV=2	Q9LU77	31	69400	2 (1)	2 (1)
Auxin efflux carrier component 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PIN3 PE=1 SV=1	Q9S7Z8	27	69706	3 (1)	3 (1)

Auxin transport protein BIG OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=Os09g0247700 PE=2 SV=1	B9G2A8	26	560057	17 (1)	15 (1)
Auxin-induced protein PCNT115 OS= <i>Nicotiana tabacum</i> PE=2 SV=1	P40691	161	34292	5 (3)	4 (3)
Auxin-responsive protein IAA17 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=IAA17 PE=1 SV=2	P93830	24	25556	2 (1)	2 (1)
Auxin-responsive protein IAA32 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=IAA32 PE=2 SV=2	Q8RYC6	25	21706	1 (1)	1 (1)
Auxin-responsive protein IAA4 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. indica GN=IAA4 PE=2 SV=1	A2WNM0	26	22100	4 (1)	3 (1)
B3 domain-containing protein Os03g0620400 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=Os03g0620400 PE=2 SV=1	Q851W5	21	59578	4 (1)	4 (1)
B3 domain-containing protein Os07g0183300/Os07g0183600 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=Os07g0183300/Os07g0183600 PE=3 SV=1	Q8H506	36	85495	10 (2)	9 (2)
B3 domain-containing protein Os07g0679700 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=Os07g0679700 PE=2 SV=1	Q6Z3U3	40	105487	3 (1)	2 (1)
B3 domain-containing protein REM10 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=REM10 PE=2 SV=1	P0DH85	24	63845	3 (1)	3 (1)
B3 domain-containing protein REM17 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=REM17 PE=2 SV=2	Q84WP3	34	106249	8 (1)	8 (1)
BAG family molecular chaperone regulator 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BAG1 PE=1 SV=1	Q0WUQ1	28	38167	4 (1)	4 (1)
BAG family molecular chaperone regulator 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BAG4 PE=1 SV=1	Q8RX71	25	29250	3 (1)	3 (1)
BAG family molecular chaperone regulator 5, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BAG5 PE=1 SV=1	O65373	32	24943	3 (1)	3 (1)
Basic form of pathogenesis-related protein 1 OS= <i>Nicotiana tabacum</i> PE=3 SV=1	P11670	26	20059	2 (1)	2 (1)
Basic leucine zipper 6 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=BZIP06 PE=2 SV=1	Q5JMK6	24	28440	2 (1)	2 (1)
BEACH domain-containing protein C1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BCHC1 PE=1 SV=1	F4JD14	23	214830	7 (1)	7 (1)
BEL1-like homeodomain protein 11 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BLH11 PE=2 SV=1	Q1PFD1	30	33288	1 (1)	1 (1)
BES1/BZR1 homolog protein 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BEH1 PE=1 SV=1	Q9S7F3	24	30435	1 (1)	1 (1)
Beta-1,3-galactosyltransferase 15 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=B3GALT15 PE=2 SV=1	Q8L7F9	27	72847	1 (1)	1 (1)
Beta-amylase 5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BAM5 PE=2 SV=1	P25853	22	56255	5 (1)	5 (1)
Beta-conglycinin, alpha chain OS= <i>Glycine max</i> PE=1 SV=2	P13916	59	70535	3 (1)	3 (1)
Beta-fructofuranosidase, insoluble isoenzyme 5 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=CIN5 PE=2 SV=3	Q56UD1	25	59952	4 (1)	3 (1)
Beta-glucosidase 24 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BGLU24 PE=2 SV=2	Q9LKR7	40	61509	1 (1)	1 (1)
Beta-glucosidase 27 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=BGLU27 PE=2 SV=1	Q84YK7	42	56996	2 (1)	2 (1)
Beta-glucosidase 4 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=BGLU4 PE=2 SV=1	Q5N863	25	55488	6 (1)	1 (1)
Beta-glucosidase 6 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=BGLU6 PE=1 SV=1	Q8L7J2	32	58844	2 (2)	2 (2)
Betaine aldehyde dehydrogenase 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. japonica GN=BADH1 PE=1 SV=1	O24174	46	55354	1 (1)	1 (1)



Bidirectional sugar transporter SWEET1a OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=SWEET1A PE=2 SV=1	Q8RZQ8	24	29769	1 (1)	1 (1)
Bifunctional dihydrofolate reductase-thymidylate synthase OS= <i>Daucus carota</i> PE=2 SV=1	P45350	28	59848	1 (1)	1 (1)
Branched-chain-amino-acid aminotransferase 1, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BCAT1 PE=1 SV=2	Q93Y32	26	42136	3 (1)	2 (1)
BTB/POZ domain-containing protein At1g30440 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g30440 PE=1 SV=2	Q9S9Q9	30	74275	3 (1)	3 (1)
BTB/POZ domain-containing protein At3g19850 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g19850 PE=2 SV=1	Q9LT24	21	63750	2 (1)	2 (1)
BTB/POZ domain-containing protein At4g08455 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At4g08455 PE=1 SV=1	Q6DBN1	31	27710	2 (1)	2 (1)
Calcium-dependent protein kinase 12 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPK12 PE=1 SV=1	Q42396	27	55914	7 (1)	2 (1)
Calcium-dependent protein kinase 21 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPK21 PE=1 SV=1	Q9ZSA2	21	60199	2 (1)	2 (1)
Calcium-dependent protein kinase 27 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPK27 PE=1 SV=3	Q9ZSA4	25	55320	4 (1)	4 (1)
Calcium-dependent protein kinase 31 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPK31 PE=2 SV=2	Q9S9V0	22	55061	2 (1)	2 (1)
Calcium-transporting ATPase 1, endoplasmic reticulum-type OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ECA1 PE=1 SV=2	P92939	27	117318	7 (1)	6 (1)
Calcium-transporting ATPase 2, plasma membrane-type OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os03g0616400 PE=2 SV=1	Q6ATV4	26	112798	20 (1)	2 (1)
Callose synthase 11 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CALS11 PE=2 SV=1	Q9S9U0	26	206306	3 (1)	3 (1)
Camelliol C synthase OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CAMS1 PE=1 SV=1	P0C8Y0	24	89353	4 (1)	4 (1)
Carbamoyl-phosphate synthase large chain, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CARB PE=1 SV=1	Q42601	63	131072	5 (1)	5 (1)
Casparian strip membrane protein 3 OS= <i>Vigna unguiculata</i> PE=2 SV=1	P0DI41	24	24233	2 (1)	1 (1)
CASP-like protein 2U1 OS= <i>Marchantia polymorpha</i> PE=2 SV=1	P0DH82	60	23936	5 (3)	2 (1)
CASP-like protein 4D1 OS= <i>Ricinus communis</i> GN=RCOM_1206790 PE=3 SV=1	B9SXY8	21	18138	1 (1)	1 (1)
Catalase isozyme 1 (Fragment) OS= <i>Nicotiana glauca</i> GN=CAT1 PE=2 SV=1	P49315	180	56214	8 (5)	6 (5)
Catalase isozyme 2 OS= <i>Ricinus communis</i> GN=CAT2 PE=2 SV=1	P49318	24	57705	4 (1)	4 (1)
Catalase isozyme 3 OS= <i>Cucurbita pepo</i> GN=CAT3 PE=2 SV=1	P48352	64	57499	4 (1)	3 (1)
Catalase OS= <i>Helianthus annuus</i> PE=2 SV=1	P45739	181	57004	6 (5)	4 (3)
Catalase-1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CAT1 PE=2 SV=3	Q96528	133	57068	9 (4)	5 (3)
Catalase-2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CAT2 PE=2 SV=3	P25819	116	57237	4 (3)	3 (2)
Catalase-3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CAT3 PE=1 SV=3	Q42547	94	57059	9 (5)	4 (2)
Cation/H(+) antiporter 14 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CHX14 PE=2 SV=1	Q9LMJ1	23	93069	3 (1)	2 (1)
Cation/H(+) antiporter 6A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CHX6a PE=2 SV=2	Q8GX92	27	94076	2 (1)	2 (1)

Cationic peroxidase SPC4 OS=Sorghum bicolor GN=Sb03g046810 PE=1 SV=2	P84516	40	38941	4 (1)	4 (1)
CBL-interacting protein kinase 22 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CIPK22 PE=2 SV=1	Q5KQF5	29	49806	3 (1)	3 (1)
CBS domain-containing protein CBSX3, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=CBSX3 PE=1 SV=1	Q9LEV3	45	22829	3 (2)	3 (2)
CDT1-like protein b OS=Arabidopsis thaliana GN=CDT1B PE=1 SV=1	Q9M1S9	33	55270	4 (1)	3 (1)
Cell division control protein 48 homolog E OS=Arabidopsis thaliana GN=CDC48E PE=1 SV=2	Q9LZF6	38	90700	5 (1)	5 (1)
Cell division cycle 5-like protein OS=Arabidopsis thaliana GN=CDC5 PE=1 SV=2	P92948	24	96049	2 (1)	2 (1)
Cellulose synthase A catalytic subunit 1 [UDP-forming] OS=Arabidopsis thaliana GN=CESA1 PE=1 SV=1	O48946	31	123641	5 (1)	3 (1)
Cellulose synthase-like protein D2 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=CSLD2 PE=3 SV=1	A2YU42	22	131439	4 (1)	4 (1)
Cellulose synthase-like protein D4 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CSLD4 PE=2 SV=1	Q2QNS6	31	133673	6 (1)	5 (1)
Cellulose synthase-like protein E2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CSLE2 PE=2 SV=1	Q0DXZ1	29	84960	1 (1)	1 (1)
Chalcone synthase (Fragment) OS=Malus domestica GN=CHS PE=2 SV=1	P30078	22	24772	2 (1)	2 (1)
Chalcone--flavonone isomerase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CHI2 PE=2 SV=1	Q9FKW3	27	24563	2 (1)	1 (1)
Chalcone--flavonone isomerase OS=Canna generalis GN=CHI PE=2 SV=1	Q3Y4F4	34	24326	2 (1)	2 (1)
Chaperone protein ClpB1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CLPB1 PE=2 SV=1	Q6F2Y7	32	101062	6 (1)	6 (1)
Chaperone protein ClpB3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CLPB3 PE=2 SV=1	Q9LF37	187	109047	8 (5)	7 (4)
Chaperone protein ClpC, chloroplastic OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	P35100	33	102818	4 (1)	4 (1)
Chaperone protein ClpC1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CLPC1 PE=1 SV=1	Q9FI56	70	103616	7 (3)	7 (3)
Chaperone protein dnaJ 13 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATJ13 PE=1 SV=2	Q39079	24	59366	3 (1)	3 (1)
Chaperonin 60 subunit beta 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CPN60B2 PE=1 SV=1	Q9LJE4	54	63702	9 (1)	7 (1)
Cheilanthalifoline synthase OS=Eschscholzia californica GN=CYP719A5 PE=1 SV=1	B5UAQ8	24	55429	2 (1)	2 (1)
Chlorophyll a-b binding protein 1, chloroplastic OS=Zea mays GN=CAB1 PE=3 SV=1	P12329	41	27912	6 (1)	6 (1)
Chlorophyll a-b binding protein 2, chloroplastic OS=Glycine max GN=CAB2 PE=3 SV=1	P09755	49	27219	4 (1)	3 (1)
Chlorophyll a-b binding protein 215, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=CAB215 PE=1 SV=1	P27520	49	28924	3 (1)	3 (1)
Chlorophyll a-b binding protein 22L, chloroplastic OS=Petunia sp. GN=CAB22L PE=3 SV=1	P04780	26	28561	2 (1)	2 (1)
Chlorophyll a-b binding protein 3A, chloroplastic (Fragments) OS=Solanum lycopersicum GN=CAB3A PE=3 SV=1	P14276	25	28600	1 (1)	1 (1)
Chlorophyll a-b binding protein AB80, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=AB80 PE=1 SV=1	P07371	75	28692	5 (3)	4 (2)
Chlorophyll a-b binding protein CP29.1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=LHCB4.1 PE=1 SV=1	Q07473	58	31177	2 (1)	2 (1)

Chlorophyll a-b binding protein CP29.2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=LHCB4.2 PE=1 SV=1	Q9XF88	35	31231	3 (1)	3 (1)
Chlorophyll a-b binding protein of LHClI type I, chloroplastic OS=Chlamydomonas moewusii PE=2 SV=1	P22686	30	27168	3 (1)	2 (1)
Chlorophyll a-b binding protein type 2 member 1A, chloroplastic OS=Pinus sylvestris PE=2 SV=1	P15193	45	29687	3 (1)	3 (1)
Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic OS=Spinacia oleracea PE=1 SV=1	P12333	55	28577	5 (3)	5 (3)
Chloroplast envelope membrane 70 kDa heat shock-related protein OS=Spinacia oleracea GN=SCE70 PE=1 SV=3	P29357	75	72143	5 (1)	5 (1)
Chloroplastic group IIA intron splicing facilitator CRS1, chloroplastic OS=Zea mays GN=CRS1 PE=1 SV=1	Q9FYT6	26	81469	9 (1)	9 (1)
Cilia- and flagella-associated protein 44 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=CFAP44 PE=1 SV=1	A8J1V4	22	186899	4 (1)	3 (1)
Cilia- and flagella-associated protein 54 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=CFAP54 PE=1 SV=1	A8J666	26	319691	9 (1)	9 (1)
Clathrin heavy chain 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CHC2 PE=1 SV=1	Q0WLB5	28	194402	6 (1)	6 (1)
CLIP-associated protein OS=Arabidopsis thaliana GN=CLASP PE=1 SV=1	Q8RWY6	22	160107	10 (1)	9 (1)
CMP-sialic acid transporter 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g65000 PE=2 SV=1	Q8LES0	28	35212	2 (1)	1 (1)
Coatomer subunit alpha-2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os03g0711500 PE=2 SV=1	Q9AUR7	25	137419	5 (1)	5 (1)
Coatomer subunit epsilon-2 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=H0413E07.10 PE=3 SV=2	A2XY73	22	32359	2 (1)	2 (1)
COBRA-like protein 5 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=BC1 PE=2 SV=1	A2XHZ9	23	51954	4 (1)	3 (1)
COBRA-like protein 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=COBL9 PE=2 SV=1	Q9FJ13	27	74228	3 (1)	3 (1)
COP9 signalosome complex subunit 5a OS=Arabidopsis thaliana GN=CSN5A PE=1 SV=1	Q9FVU9	25	40407	3 (1)	2 (1)
Coronatine-insensitive protein homolog 2 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=COI2 PE=3 SV=1	A2XEV1	29	67078	4 (1)	3 (1)
CRC domain-containing protein TSO1 OS=Arabidopsis thaliana GN=TSO1 PE=1 SV=1	Q9LUI3	28	77768	5 (1)	5 (1)
CSC1-like protein At1g32090 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g32090 PE=1 SV=1	Q9FVQ5	24	93416	2 (1)	2 (1)
Cyclic nucleotide-gated ion channel 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CNGC2 PE=1 SV=1	O65718	25	84385	1 (1)	1 (1)
Cyclin-A1-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CYCA1-1 PE=2 SV=1	Q7F830	23	55628	4 (1)	4 (1)
Cyclin-A1-2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CYCA1-2 PE=3 SV=2	Q0JPA4	24	53269	1 (1)	1 (1)
Cyclin-A1-4 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CYCA1-4 PE=2 SV=2	Q0DJR9	25	41182	2 (1)	2 (1)
Cyclin-A3-2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CYCA3-2 PE=2 SV=1	Q2QN26	32	42537	3 (1)	2 (1)
Cyclin-B1-5 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYCB1-5 PE=2 SV=3	Q39072	23	55851	4 (1)	4 (1)
Cyclin-dependent kinase A-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CDKA-1 PE=1 SV=1	P29618	26	34221	3 (1)	3 (1)
Cyclin-dependent kinase E-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CDKE-1 PE=2 SV=2	Q336M2	27	52888	7 (1)	5 (1)

Cyclin-dependent kinase F-1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=CDKF-1 PE=3 SV=1	A2YCH5	28	52481	2 (1)	2 (1)
Cyclin-T1-2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CYCT1_2 PE=2 SV=2	Q6Z7H3	22	71845	4 (1)	4 (1)
Cysteine proteinase inhibitor 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CYS2 PE=2 SV=2	Q8L5T9	21	16137	2 (2)	1 (1)
Cysteine synthase OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=RCS1 PE=2 SV=2	Q9XEA6	29	33931	2 (1)	2 (1)
Cysteine synthase, chloroplastic/chromoplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=OASB PE=1 SV=2	P47999	51	41915	3 (2)	3 (2)
Cysteine-rich receptor-like protein kinase 17 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CRK17 PE=2 SV=2	Q8L710	23	77161	9 (1)	3 (1)
Cytochrome b6 OS= <i>Coffea arabica</i> GN=petB PE=3 SV=1	A0A365	63	24233	1 (1)	1 (1)
Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit 1, chloroplastic OS= <i>Nicotiana tabacum</i> GN=petC1 PE=2 SV=2	P30361	30	24535	2 (2)	2 (2)
Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic OS= <i>Fritillaria agrestis</i> GN=petC PE=2 SV=1	O49078	67	24624	3 (2)	2 (2)
Cytochrome c oxidase subunit 6b-1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=COX6B-1 PE=1 SV=1	Q9S7L9	25	21410	1 (1)	1 (1)
Cytochrome f OS= <i>Coffea arabica</i> GN=petA PE=3 SV=1	A0A348	155	35301	4 (4)	4 (4)
Cytochrome P450 714C3 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CYP714C3 PE=3 SV=2	B9G934	24	58303	1 (1)	1 (1)
Cytochrome P450 71B3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CYP71B3 PE=2 SV=2	O65785	23	57969	5 (1)	5 (1)
Cytochrome P450 71B8 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CYP71B8 PE=3 SV=1	P58048	21	58275	2 (1)	2 (1)
Cytochrome P450 78A7 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CYP78A7 PE=2 SV=1	Q9FIB0	28	59684	1 (1)	1 (1)
Cytochrome P450 82A2 OS= <i>Glycine max</i> GN=CYP82A2 PE=2 SV=1	O81972	27	59135	3 (1)	3 (1)
Cytochrome P450 88A1 OS= <i>Zea mays</i> GN=CYP88A1 PE=2 SV=1	Q43246	35	58097	4 (2)	3 (1)
Cytochrome P450 CYP82H23 (Fragment) OS= <i>Panax ginseng</i> PE=2 SV=1	H2DH23	24	28156	2 (1)	2 (1)
Cytokinin dehydrogenase 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CKX3 PE=1 SV=1	Q9LTS3	23	59613	2 (1)	2 (1)
Cytoplasmic dynein 2 heavy chain 1 OS= <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> GN=DHC1B PE=1 SV=2	Q9SMH5	22	483515	28 (1)	26 (1)
Cytosolic invertase 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CINV1 PE=1 SV=1	Q69T31	21	63980	3 (1)	3 (1)
Cytosolic sulfotransferase 15 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SOT15 PE=1 SV=1	Q8L5A7	22	41680	2 (1)	2 (1)
DCC family protein At1g52590, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g52590 PE=2 SV=1	Q9SSR1	22	19867	2 (1)	2 (1)
DDT domain-containing protein DDR4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=DDR4 PE=1 SV=1	F4IDY7	21	86483	6 (1)	5 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 22 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RH22 PE=2 SV=1	Q944S1	22	65220	3 (2)	1 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 35 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RH35 PE=2 SV=1	Q9LU46	23	66278	3 (1)	3 (1)
Dehydration-responsive element-binding protein 2D OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=DREB2D PE=2 SV=1	Q9LQZ2	28	22851	1 (1)	1 (1)

DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH10 OS=Arabidopsis thaliana GN=HEN2 PE=1 SV=2	Q9ZVW2	23	112616	19 (2)	5 (1)
DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH12 OS=Arabidopsis thaliana GN=EMB1507 PE=2 SV=1	Q9SYP1	32	247976	4 (1)	3 (1)
DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH14 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g61140 PE=2 SV=1	Q9FNQ1	21	245685	12 (1)	11 (1)
Dihydroflavonol-4-reductase OS=Arabidopsis thaliana GN=DFRA PE=1 SV=2	P51102	25	43203	1 (1)	1 (1)
Dihydropyrimidine dehydrogenase (NADP(+)), chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PYD1 PE=1 SV=1	Q9LVI9	24	47216	3 (1)	2 (1)
Disease resistance protein At4g27190 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g27190 PE=2 SV=1	Q9T048	27	114186	4 (1)	4 (1)
Disease resistance protein LAZ5 OS=Arabidopsis thaliana GN=LAZ5 PE=1 SV=1	O48573	22	135194	2 (1)	2 (1)
Disease resistance protein RPM1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPM1 PE=1 SV=1	Q39214	25	107556	5 (1)	5 (1)
Disease resistance protein RPP4 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPP4 PE=1 SV=1	F4JNA9	38	132227	12 (1)	10 (1)
Disease resistance-like protein CSA1 OS=Arabidopsis thaliana GN=CSA1 PE=3 SV=1	F4KIF3	28	137484	5 (1)	5 (1)
DNA gyrase subunit B, chloroplastic/mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GYRB PE=2 SV=1	Q5NB3	22	80818	8 (1)	6 (1)
DNA ligase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=LIG4 PE=1 SV=1	Q9LL84	29	138849	1 (1)	1 (1)
DNA mismatch repair protein MSH7 OS=Arabidopsis thaliana GN=MSH7 PE=1 SV=1	Q9SMV7	21	123675	13 (1)	10 (1)
DNA polymerase alpha catalytic subunit OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os01g0868300 PE=2 SV=2	O48653	25	171922	4 (1)	4 (1)
DNA repair protein recA homolog 3, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g19490 PE=2 SV=2	Q9ZUP2	24	46359	3 (1)	3 (1)
DNA repair protein REV1 OS=Arabidopsis thaliana GN=REV1 PE=2 SV=1	A3EWL3	22	123354	4 (1)	4 (1)
DNA replication licensing factor MCM2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MCM2 PE=2 SV=1	Q2R482	22	109269	10 (1)	9 (1)
DNA replication licensing factor MCM3 OS=Arabidopsis thaliana GN=MCM3 PE=1 SV=1	Q9FL33	27	86759	3 (1)	3 (1)
DNA topoisomerase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=TOP1 PE=1 SV=1	P30181	22	103248	5 (1)	5 (1)
DNA-binding protein S1FA2 OS=Arabidopsis thaliana GN=S1FA2 PE=3 SV=2	Q42337	28	8216	2 (1)	1 (1)
DNA-directed RNA polymerase subunit alpha OS=Solanum lycopersicum GN=rpoA PE=3 SV=1	Q2MI69	37	38969	3 (2)	3 (2)
DNA-directed RNA polymerase subunit beta" (Fragment) OS=Pisum sativum GN=rpoC2 PE=3 SV=1	P12227	24	134541	2 (1)	2 (1)
DNA-directed RNA polymerase subunit beta N-terminal section OS=Leptosira terrestris GN=rpoB1 PE=3 SV=1	A6YGD9	22	132408	8 (1)	5 (1)
DNA-directed RNA polymerase subunit beta OS=Oenothera elata subsp. hookeri GN=rpoB PE=3 SV=2	Q9MTM5	21	121720	6 (1)	6 (1)
DNA-directed RNA polymerase subunit gamma OS=Helicosporidium sp. subsp. Simulium jonesii GN=rpoC1 PE=3 SV=1	Q2EEW9	29	98763	5 (1)	5 (1)
DNA-directed RNA polymerase V subunit 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=NRPE1 PE=1 SV=1	Q5D869	24	220258	10 (1)	9 (1)
DnaJ homolog subfamily C GRV2 OS=Arabidopsis thaliana GN=GRV2 PE=1 SV=1	F4IVL6	21	281235	7 (1)	7 (1)

Double-stranded RNA-binding protein 2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=DRB2 PE=2 SV=1	Q0DKP4	22	65263	2 (1)	2 (1)
Dynein beta chain, flagellar outer arm OS= <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> GN=ODA4 PE=3 SV=1	Q39565	45	523802	17 (2)	17 (2)
Dynein gamma chain, flagellar outer arm OS= <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> GN=ODA2 PE=1 SV=1	Q39575	22	515883	12 (1)	10 (1)
Dynein regulatory complex subunit 3 OS= <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> GN=DRC3 PE=1 SV=1	A8IVX2	24	60600	3 (1)	3 (1)
Dynein-1-alpha heavy chain, flagellar inner arm I1 complex OS= <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> GN=DHC1 PE=1 SV=1	Q9SMH3	22	525420	20 (1)	20 (1)
Dynein-1-beta heavy chain, flagellar inner arm I1 complex OS= <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> GN=DHC10 PE=1 SV=1	Q9MBF8	33	513650	24 (1)	22 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=BRE1A PE=3 SV=2	A2XW69	28	101249	24 (1)	3 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase COP1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=COP1 PE=1 SV=2	P43254	21	77280	3 (1)	3 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase KEG OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=KEG PE=1 SV=2	Q9FY48	24	180725	9 (1)	9 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase UPL1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UPL1 PE=1 SV=3	Q8GY23	35	407598	12 (1)	10 (1)
Elongation factor 1-alpha OS= <i>Solanum lycopersicum</i> PE=2 SV=1	P17786	119	49599	6 (2)	5 (1)
Elongation factor 1-gamma OS= <i>Prunus avium</i> PE=2 SV=1	Q9FUM1	48	48184	3 (1)	2 (1)
Elongation factor G, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPEFG PE=1 SV=1	Q9SI75	45	86345	6 (1)	5 (1)
Elongation factor G-2, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MEFG2 PE=2 SV=1	F4IW10	29	83288	3 (1)	3 (1)
Elongation factor TuA, chloroplastic OS= <i>Nicotiana sylvestris</i> GN=TUFA PE=2 SV=2	Q40450	95	52152	4 (2)	4 (2)
Elongation factor TuB, chloroplastic OS= <i>Nicotiana sylvestris</i> GN=TUFB PE=2 SV=1	Q43364	46	52769	5 (1)	5 (1)
Endochitinase OS= <i>Phaseolus vulgaris</i> PE=1 SV=1	P06215	23	36333	2 (1)	1 (1)
Endoplasmic homolog OS= <i>Catharanthus roseus</i> GN=HSP90 PE=2 SV=1	P35016	21	93605	2 (1)	2 (1)
Endoribonuclease Dicer homolog 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=DCL1 PE=3 SV=1	Q8LMR2	27	212065	7 (1)	5 (1)
Endoribonuclease Dicer homolog 2a OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=DCL2A PE=2 SV=1	Q10HL3	29	160673	5 (1)	5 (1)
Endoribonuclease Dicer homolog 3a OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=DCL3A PE=2 SV=1	Q5N870	32	187226	9 (1)	9 (1)
Endoribonuclease Dicer homolog 3b OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=DCL3B PE=3 SV=2	Q7XD96	32	187286	5 (1)	5 (1)
Endoribonuclease Dicer homolog 4 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=DCL4 PE=2 SV=1	A7LFZ6	29	189436	4 (1)	4 (1)
Enolase 1 OS= <i>Hevea brasiliensis</i> GN=ENO1 PE=1 SV=1	Q9LEJ0	171	48029	6 (2)	6 (2)
Enolase 2 OS= <i>Hevea brasiliensis</i> GN=ENO2 PE=1 SV=1	Q9LEI9	47	48112	3 (2)	2 (1)
Ent-isokaurene C2-hydroxylase OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CYP71Z6 PE=1 SV=1	A3A871	21	57576	5 (1)	4 (1)
Ethylene-responsive transcription factor ERF017 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ERF017 PE=2 SV=1	Q84QC2	21	20771	1 (1)	1 (1)

Ethylene-responsive transcription factor ERF053 OS=Arabidopsis thaliana GN=ERF053 PE=2 SV=1	Q9SKT1	28	38488	1 (1)	1 (1)
Eukaryotic initiation factor 4A-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=TIF4A-2 PE=1 SV=1	P41377	88	47075	5 (1)	4 (1)
Eukaryotic initiation factor 4A-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=TIF4A-3 PE=1 SV=1	Q9CAI7	126	47083	7 (3)	4 (2)
Eukaryotic peptide chain release factor subunit 1-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=ERF1-3 PE=1 SV=1	P35614	27	49148	1 (1)	1 (1)
Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C OS=Medicago truncatula GN=TIF3C1 PE=2 SV=1	Q9XHM1	21	105403	11 (1)	7 (1)
Eukaryotic translation initiation factor 4B1 OS=Triticum aestivum GN=EIF4B PE=1 SV=1	Q9AUJ7	27	56793	6 (1)	6 (1)
Eukaryotic translation initiation factor 4G OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os07g0555200 PE=2 SV=2	B9FXV5	28	194041	12 (1)	11 (1)
Eukaryotic translation initiation factor 5A-2 OS=Solanum lycopersicum PE=2 SV=1	Q9AXQ5	32	17714	3 (2)	2 (1)
Eukaryotic translation initiation factor isoform 4G-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=EIF(ISO)4G2 PE=1 SV=1	O82233	25	83408	3 (2)	2 (1)
Exocyst complex component SEC10 OS=Arabidopsis thaliana GN=SEC10 PE=1 SV=2	Q8RVQ5	26	90209	6 (1)	6 (1)
Expansin-like A2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=EXLA2 PE=2 SV=1	Q7XCL0	24	29967	4 (1)	4 (1)
Factor of DNA methylation 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=FDM2 PE=1 SV=1	F4JH53	35	73461	2 (1)	2 (1)
Farnesyl pyrophosphate synthase 1 OS=Lupinus albus GN=FPS1 PE=2 SV=1	P49351	47	39529	1 (1)	1 (1)
FBD-associated F-box protein At5g60610 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g60610 PE=2 SV=1	Q9FF58	28	45723	1 (1)	1 (1)
F-box protein At1g47340 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g47340 PE=2 SV=1	Q0V7S0	41	54046	2 (1)	2 (1)
F-box protein At3g62230 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g62230 PE=1 SV=1	Q9M1Q1	24	53507	2 (1)	2 (1)
F-box protein At5g06550 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g06550 PE=2 SV=1	Q67XX3	22	57725	2 (1)	2 (1)
F-box protein At5g51380 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g51380 PE=2 SV=1	Q9FGN3	25	54197	1 (1)	1 (1)
F-box protein CPR30 OS=Arabidopsis thaliana GN=CPR30 PE=1 SV=2	Q9SU30	22	47685	1 (1)	1 (1)
F-box/kelch-repeat protein At3g27150 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g27150 PE=2 SV=1	Q9LI89	21	47950	4 (1)	3 (1)
F-box/kelch-repeat protein At4g05080 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g05080 PE=2 SV=1	Q9S9T0	22	46322	2 (1)	2 (1)
F-box/kelch-repeat protein At4g39560 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g39560 PE=2 SV=1	Q67XN8	31	29870	1 (1)	1 (1)
F-box/LRR-repeat protein 10 OS=Arabidopsis thaliana GN=FBL10 PE=2 SV=1	Q9SDA8	29	73604	2 (1)	1 (1)
F-box/LRR-repeat protein 17 OS=Arabidopsis thaliana GN=FBL17 PE=1 SV=1	Q8W104	25	65868	2 (1)	2 (1)
F-box/LRR-repeat protein At3g03360 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g03360 PE=2 SV=2	Q84W80	21	55768	4 (1)	4 (1)
F-box/LRR-repeat protein At4g14103 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g14103 PE=2 SV=1	Q8L7H1	21	43663	1 (1)	1 (1)
F-box/LRR-repeat/kelch-repeat protein At2g29770 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g29770 PE=2 SV=1	O82379	24	44580	3 (1)	3 (1)



Ferredoxin-dependent glutamate synthase, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=FdGOGAT PE=1 SV=3	Q43155	116	166666	10 (5)	9 (4)
Ferredoxin--NADP reductase, leaf isozyme, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os06g0107700 PE=2 SV=1	P41344	145	40381	5 (3)	4 (2)
Ferritin-1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=FER1 PE=2 SV=1	Q39101	45	28160	1 (1)	1 (1)
Ferritin-4, chloroplastic OS=Glycine max PE=1 SV=2	Q948P5	51	27542	2 (1)	2 (1)
Flagellar radial spoke protein 2 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=RSP2 PE=1 SV=1	Q6UBQ3	24	77487	4 (1)	3 (1)
Flap endonuclease 1 OS=Ostreococcus tauri GN=FEN1 PE=3 SV=2	Q013G9	30	43075	9 (1)	7 (1)
Flavin-containing monooxygenase FMO GS-OX-like 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g62600 PE=2 SV=1	Q94BV5	26	51622	5 (1)	3 (1)
Floricaula/leafy-like protein FL1 OS=Pinus radiata PE=1 SV=1	O04407	30	46971	2 (1)	2 (1)
Formate dehydrogenase, mitochondrial OS=Hordeum vulgare PE=2 SV=1	Q9ZR18	41	41747	3 (1)	3 (1)
Formin-like protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=FH2 PE=3 SV=1	O22824	32	98601	1 (1)	1 (1)
Formin-like protein 20 OS=Arabidopsis thaliana GN=FH20 PE=2 SV=3	Q9FLQ7	23	179061	8 (1)	8 (1)
Formyltetrahydrofolate deformylase 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PURU2 PE=1 SV=1	F4JP46	24	37671	3 (1)	1 (1)
Fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os01g0866400 PE=2 SV=2	Q0JHF8	106	37468	2 (1)	2 (1)
Fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic (Fragment) OS=Pisum sativum PE=1 SV=1	Q01516	24	38747	6 (1)	4 (1)
Fructose-bisphosphate aldolase cytoplasmic isozyme OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=FBA PE=1 SV=2	P17784	94	39238	3 (1)	3 (1)
Fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic OS=Spinacia oleracea PE=1 SV=3	P16096	104	42727	5 (3)	4 (3)
Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Zea mays PE=2 SV=1	P08440	88	39036	4 (1)	3 (1)
Gamma aminobutyrate transaminase 1, mitochondrial OS=Solanum lycopersicum GN=GABA-TP1 PE=1 SV=1	Q84P54	80	57055	3 (1)	3 (1)
Gamma aminobutyrate transaminase 3, chloroplastic OS=Solanum lycopersicum GN=GABA-TP3 PE=1 SV=1	Q84P52	92	57546	2 (1)	2 (1)
GDSL esterase/lipase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=GLIP4 PE=2 SV=2	Q9LJP1	27	42458	1 (1)	1 (1)
GDSL esterase/lipase EXL6 OS=Arabidopsis thaliana GN=EXL6 PE=1 SV=1	Q93X94	25	38970	1 (1)	1 (1)
Geranylgeranyl pyrophosphate synthase 12, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g32040 PE=2 SV=1	Q9LHR4	29	39367	3 (1)	2 (1)
Germin-like protein subfamily 2 member 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=GLP10 PE=2 SV=1	Q9M263	58	23706	2 (2)	1 (1)
Gibberellic acid methyltransferase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=GAMT2 PE=1 SV=1	Q5XF78	21	43664	1 (1)	1 (1)
Glucan endo-1,3-beta-glucosidase, basic isoform OS=Prunus persica GN=GNS1 PE=3 SV=1	P52408	24	38265	2 (1)	2 (1)
Glucose-1-phosphate adenyltransferase small subunit, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=APS1 PE=2 SV=2	P55228	22	56957	6 (1)	4 (1)
Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic 1 OS=Clarkia concinna GN=PGIC1 PE=3 SV=1	P54235	26	62893	1 (1)	1 (1)



Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic OS=Arabidopsis lyrata subsp. petraea GN=PGIC PE=3 SV=1	Q9FXM4	43	61880	4 (2)	4 (2)
Glutamate receptor 1.3 OS=Arabidopsis thaliana GN=GLR1.3 PE=2 SV=1	Q9FH75	25	97191	3 (1)	3 (1)
Glutamate receptor 3.1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GLR3.1 PE=1 SV=1	Q7XP59	26	103772	2 (1)	2 (1)
Glutamate synthase 1 [NADH], chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=GLT1 PE=2 SV=2	Q9LV03	24	243741	10 (1)	10 (1)
Glutamate--cysteine ligase B, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. indica GN=GSH1-2 PE=3 SV=2	A2YL07	25	56403	1 (1)	1 (1)
Glutamate--glyoxylate aminotransferase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=GGAT2 PE=1 SV=1	Q9S7E9	76	53980	5 (1)	4 (1)
Glutamine synthetase cytosolic isozyme OS=Pinus sylvestris PE=2 SV=1	P52783	24	39831	2 (1)	2 (1)
Glutamine synthetase leaf isozyme, chloroplastic OS=Phaseolus vulgaris PE=2 SV=1	P15102	70	47502	7 (4)	5 (2)
Glutamine synthetase root isozyme 5 OS=Zea mays GN=GS1-5 PE=2 SV=2	P38563	32	39520	3 (1)	2 (1)
Glutamine synthetase, chloroplastic OS=Daucus carota GN=GLN2 PE=2 SV=1	O22506	129	48076	11 (3)	10 (2)
Glutamine-dependent NAD(+) synthetase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os07g0167100 PE=3 SV=2	Q0D8D4	26	83165	4 (1)	4 (1)
Glutamyl-tRNA(Gln) amidotransferase subunit C, chloroplastic/mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. indica GN=GATC PE=3 SV=1	A2XK57	29	16600	2 (1)	2 (1)
Glutathione S-transferase U20 OS=Arabidopsis thaliana GN=GSTU20 PE=1 SV=1	Q8L7C9	28	25105	1 (1)	1 (1)
Glutathione S-transferase U25 OS=Arabidopsis thaliana GN=GSTU25 PE=1 SV=1	Q9SHH7	42	25745	3 (2)	2 (1)
Glutelin type-A 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GLUA3 PE=2 SV=2	Q09151	27	56550	2 (1)	2 (1)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC1 PE=2 SV=2	P08735	103	36614	4 (2)	4 (2)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	P08477	128	33443	7 (3)	4 (3)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Zea mays GN=GAPC3 PE=2 SV=1	Q43247	151	36597	13 (5)	9 (4)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic (Fragment) OS=Nicotiana tabacum GN=GAPA PE=2 SV=1	P09043	182	42122	7 (6)	4 (4)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=GAPA PE=1 SV=2	P19866	181	43338	7 (6)	4 (4)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B, chloroplastic (Fragment) OS=Nicotiana tabacum GN=GAPB PE=2 SV=1	P09044	100	47954	5 (3)	4 (3)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPA1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=GAPA1 PE=1 SV=3	P25856	168	42748	4 (3)	4 (3)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPB, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=GAPB PE=1 SV=2	P25857	77	48086	4 (2)	4 (2)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPCP2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=GAPCP2 PE=2 SV=1	Q5E924	121	44989	2 (2)	1 (1)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic (Fragment) OS=Nicotiana tabacum GN=GAPC PE=2 SV=1	P09094	32	35682	5 (1)	4 (1)
Glycerol-3-phosphate acyltransferase, chloroplastic OS=Phaseolus vulgaris GN=PLSB PE=2 SV=1	Q43822	26	51007	2 (1)	2 (1)
Glycerol-3-phosphate dehydrogenase SDP6, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=SDP6 PE=1 SV=1	Q9SS48	22	68978	2 (1)	2 (1)

Glycerophosphodiester phosphodiesterase GDPDL1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GDPDL1 PE=1 SV=2	Q7Y208	23	84192	1 (1)	1 (1)
Glycine cleavage system H protein, mitochondrial OS=Flaveria trinervia GN=GDCSH PE=2 SV=1	P46485	53	17777	4 (1)	3 (1)
Glycine dehydrogenase (decarboxylating) A, mitochondrial OS=Flaveria pringlei GN=GDCSPA PE=2 SV=1	P49361	58	114042	8 (2)	7 (2)
Glycine-rich RNA-binding protein blt801 OS=Hordeum vulgare GN=blt801 PE=1 SV=1	Q43472	56	15973	2 (1)	2 (1)
Glycine-rich RNA-binding protein OS=Daucus carota PE=2 SV=1	Q03878	28	15765	2 (1)	2 (1)
Glycine--tRNA ligase, mitochondrial 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g29880 PE=1 SV=1	O23627	46	82576	4 (1)	4 (1)
Glycogen synthase kinase-3 homolog MsK-2 OS=Medicago sativa GN=MSK-2 PE=2 SV=1	P51138	24	46546	2 (1)	2 (1)
Golgin candidate 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=GC6 PE=1 SV=2	B0F9L4	24	102568	6 (1)	6 (1)
GPCR-type G protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GTG1 PE=1 SV=1	Q9XIP7	28	53910	4 (1)	4 (1)
Growth-regulating factor 10 OS>Oryza sativa subsp. japonica GN=GRF10 PE=2 SV=1	Q6EPP9	26	22524	3 (1)	2 (1)
GTP-binding nuclear protein Ran-1 OS>Oryza sativa subsp. indica GN=RAN1 PE=2 SV=2	A2WSI7	34	25329	1 (1)	1 (1)
GTP-binding protein yptV3 OS=Volvox carteri GN=YPTV3 PE=3 SV=1	P36862	25	22603	2 (1)	2 (1)
G-type lectin S-receptor-like serine/threonine-protein kinase RKS1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RKS1 PE=3 SV=3	Q9ZT07	26	95971	5 (1)	5 (1)
Guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GDI1 PE=1 SV=1	Q96254	29	50243	4 (1)	4 (1)
Heat shock 70 kDa protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-3 PE=1 SV=1	O65719	335	71559	12 (8)	10 (6)
Heat shock 70 kDa protein 6, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-6 PE=1 SV=1	Q9STW6	25	76575	3 (1)	3 (1)
Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	P11143	352	70871	17 (6)	17 (6)
Heat shock cognate protein 80 OS=Solanum lycopersicum GN=HSC80 PE=2 SV=1	P36181	53	80371	10 (1)	10 (1)
Heat shock protein 83 OS=Ipomoea nil GN=HSP83A PE=2 SV=1	P51819	58	81055	4 (3)	3 (2)
Heat shock protein 90-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP90-1 PE=1 SV=3	P27323	86	80870	5 (1)	5 (1)
Heat shock protein 90-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP90-3 PE=1 SV=2	P51818	42	80287	5 (1)	5 (1)
Heat shock protein 90-5, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP90-5 PE=1 SV=1	Q9SIF2	70	89064	3 (1)	3 (1)
Heat stress transcription factor C-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSFC1 PE=2 SV=1	Q9LV52	22	37748	2 (1)	1 (1)
Hexokinase-10 OS>Oryza sativa subsp. japonica GN=HXK10 PE=2 SV=1	Q2KNB5	23	54929	2 (1)	2 (1)
Hexose carrier protein HEX6 OS=Ricinus communis GN=HEX6 PE=2 SV=1	Q07423	24	55788	2 (1)	2 (1)
Histidine kinase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=AHK4 PE=1 SV=1	Q9C5U0	27	121224	6 (1)	5 (1)
Histone acetyltransferase GCN5 OS>Oryza sativa subsp. japonica GN=GCN5 PE=2 SV=1	Q338B9	23	56935	4 (1)	4 (1)

Histone acetyltransferase of the MYST family 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=HAM2 PE=1 SV=1	Q9LXD7	33	52018	2 (1)	2 (1)
Histone deacetylase HDT3 OS=Arabidopsis thaliana GN=HDT3 PE=1 SV=2	Q9LZR5	25	31925	1 (1)	1 (1)
Histone deacetylase HDT4 OS=Arabidopsis thaliana GN=HDT4 PE=2 SV=1	Q9M4T3	24	22808	2 (1)	2 (1)
Histone H1.1 (Fragment) OS=Triticum aestivum PE=1 SV=1	P15871	26	2707	1 (1)	1 (1)
Histone H2A-III OS=Volvox carteri PE=3 SV=1	P16865	33	13546	1 (1)	1 (1)
Histone H2B OS=Gossypium hirsutum GN=HIS2B PE=2 SV=3	O22582	46	16077	4 (1)	3 (1)
Histone H2B.1 OS=Triticum aestivum PE=1 SV=3	P27807	32	16423	5 (1)	3 (1)
Histone H4 OS=Glycine max PE=3 SV=1	P0CG89	163	11402	4 (4)	3 (3)
Histone-lysine N-methyltransferase ATX5 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATX5 PE=2 SV=1	Q8GZ42	21	122124	5 (1)	5 (1)
Histone-lysine N-methyltransferase, H3 lysine-9 specific SUVH6 OS=Arabidopsis thaliana GN=SUVH6 PE=2 SV=2	Q8VZ17	28	88903	8 (1)	6 (1)
Homeobox protein knotted-1-like 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=KNAT7 PE=1 SV=1	Q9FPQ8	27	33115	3 (1)	3 (1)
Homeobox protein knotted-1-like 8 (Fragment) OS=Zea mays GN=KNOX8 PE=2 SV=1	P56666	24	10364	1 (1)	1 (1)
Homeobox-leucine zipper protein ATHB-15 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATHB-15 PE=1 SV=1	Q9ZU11	31	93068	5 (1)	5 (1)
Homeobox-leucine zipper protein ATHB-17 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATHB-17 PE=2 SV=1	Q8S9N6	21	32068	2 (1)	2 (1)
Homeobox-leucine zipper protein ATHB-52 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATHB-52 PE=2 SV=1	Q9FN29	35	18151	1 (1)	1 (1)
Homeobox-leucine zipper protein HDG4 OS=Arabidopsis thaliana GN=HDG4 PE=1 SV=1	Q8L7H4	29	80082	4 (1)	4 (1)
Homeobox-leucine zipper protein HDG9 OS=Arabidopsis thaliana GN=HDG9 PE=2 SV=1	Q9FFI0	27	81644	4 (1)	4 (1)
Hsp70-Hsp90 organizing protein 1 OS=Glycine max GN=HOP1 PE=1 SV=2	Q43468	24	64480	4 (1)	4 (1)
Hypersensitive-induced response protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=HIR1 PE=1 SV=1	Q9FM19	26	31696	2 (1)	2 (1)
Inactive poly [ADP-ribose] polymerase RCD1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RCD1 PE=1 SV=1	Q8RY59	22	66396	4 (1)	4 (1)
Inactive protein RESTRICTED TEV MOVEMENT 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RTM2 PE=3 SV=1	D9UBX6	30	41241	4 (1)	3 (1)
Intraflagellar transport protein 172 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=IFT172 PE=1 SV=1	Q5DM57	27	198852	7 (1)	7 (1)
Ion channel DMI1 OS=Medicago truncatula GN=DMI1 PE=2 SV=1	Q6RHR6	22	99007	4 (1)	4 (1)
IQ domain-containing protein IQM2 OS=Arabidopsis thaliana GN=IQM2 PE=2 SV=1	Q9LHN9	24	69415	6 (1)	6 (1)
IRK-interacting protein OS=Arabidopsis thaliana GN=IRKI PE=1 SV=1	Q9LXU9	28	63745	3 (1)	3 (1)
Iron-sulfur assembly protein IscA-like 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g03905 PE=2 SV=2	Q8LCY2	31	17631	3 (1)	2 (1)
Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Solanum tuberosum GN=ICDH-1 PE=2 SV=1	P50217	71	47104	5 (1)	5 (1)

Isoflavone 7-O-glucosyltransferase 1 OS=Glycine max GN=GmIF7GT1 PE=1 SV=1	A6BM07	24	52459	8 (1)	2 (1)
Isoflavone reductase homolog OS=Solanum tuberosum PE=2 SV=1	P52578	54	33831	2 (1)	2 (1)
Isoleucine--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g10320 PE=2 SV=1	F4JLM5	21	136368	2 (1)	2 (1)
Jacalin-related lectin 14 OS=Arabidopsis thaliana GN=JAL14 PE=2 SV=1	F4I837	23	69176	2 (1)	2 (1)
Ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os05g0573700 PE=1 SV=1	Q65XK0	64	62680	2 (1)	2 (1)
Kinesin-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATK3 PE=2 SV=1	P46875	28	85548	4 (1)	4 (1)
Kinesin-5 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATK5 PE=2 SV=1	F4JGP4	31	89766	5 (1)	4 (1)
Kinesin-like calmodulin-binding protein OS=Arabidopsis thaliana GN=KCBP PE=1 SV=1	Q9FHN8	21	144100	2 (1)	1 (1)
Kinesin-like protein KCA1 OS=Arabidopsis thaliana GN=KCA1 PE=1 SV=1	Q9LX99	23	141519	6 (1)	5 (1)
Laccase-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=LAC1 PE=2 SV=1	Q9LMS3	24	65644	4 (1)	2 (1)
Laccase-20 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=LAC20 PE=3 SV=1	A2Y9C2	23	65436	2 (1)	2 (1)
Lactoylglutathione lyase OS=Glycine max GN=GLXI PE=1 SV=1	Q9ZS21	25	21003	2 (1)	2 (1)
Lariat debranching enzyme OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=DBR1 PE=2 SV=1	Q6AU07	34	47107	5 (1)	4 (1)
L-ascorbate peroxidase 1, cytosolic OS=Arabidopsis thaliana GN=APX1 PE=1 SV=2	Q05431	24	27829	1 (1)	1 (1)
Late embryogenesis abundant protein 1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=LEA1 PE=1 SV=2	A2XG55	22	35869	4 (1)	3 (1)
Late embryogenesis abundant protein Dc3 OS=Daucus carota PE=2 SV=1	P83442	22	17025	3 (1)	3 (1)
Legumin type B OS=Vicia faba GN=LEB4 PE=3 SV=1	P05190	25	54700	5 (1)	5 (1)
Leucine aminopeptidase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PM25 PE=1 SV=1	P30184	77	54760	5 (1)	5 (1)
Leucine aminopeptidase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g30920 PE=2 SV=2	Q944P7	27	61667	4 (1)	4 (1)
L-gulonolactone oxidase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=GULLO3 PE=1 SV=1	Q9LYD8	22	65718	3 (1)	3 (1)
Light-independent protochlorophyllide reductase subunit N OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=chIN PE=3 SV=1	P29683	23	61571	1 (1)	1 (1)
Light-sensor Protein kinase OS=Ceratodon purpureus GN=PHY1 PE=3 SV=3	P25848	84	147404	22 (5)	9 (1)
Linoleate 13S-lipoxygenase 2-1, chloroplastic OS=Solanum tuberosum GN=LOX2.1 PE=1 SV=1	O24370	29	102158	4 (1)	4 (1)
Linoleate 9S-lipoxygenase B OS=Solanum lycopersicum GN=LOX1.2 PE=2 SV=1	P38416	60	97518	9 (1)	8 (1)
Lipoxygenase 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=LOX2 PE=1 SV=1	P38418	30	102552	7 (1)	5 (1)
Lipoyl synthase, mitochondrial OS=Ricinus communis GN=LIP1 PE=3 SV=1	B9RW49	21	39015	1 (1)	1 (1)
L-lactate dehydrogenase OS=Botryococcus braunii PE=1 SV=1	P93052	25	33025	2 (2)	1 (1)

LL-diaminopimelate aminotransferase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=DAP PE=1 SV=1	Q93ZN9	36	50934	5 (1)	4 (1)
Long chain acyl-CoA synthetase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=LACS1 PE=2 SV=1	O22898	21	75291	3 (1)	3 (1)
Long chain acyl-CoA synthetase 6, peroxisomal OS=Arabidopsis thaliana GN=LACS6 PE=1 SV=1	Q8LPS1	21	77239	1 (1)	1 (1)
Long-chain-alcohol O-fatty-acyltransferase OS=Simmondsia chinensis PE=1 SV=1	Q9XGY6	25	40359	5 (1)	2 (1)
Long-chain-alcohol oxidase FAO4A OS=Arabidopsis thaliana GN=FAO4A PE=3 SV=2	O65709	22	81100	2 (1)	2 (1)
Low-temperature-induced 65 kDa protein OS=Arabidopsis thaliana GN=LT165 PE=2 SV=2	Q04980	22	65931	4 (1)	3 (1)
Lysine-specific demethylase JMJ705 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=JMJ705 PE=1 SV=1	Q5N712	30	143955	6 (1)	5 (1)
Lysine-specific demethylase REF6 OS=Arabidopsis thaliana GN=REF6 PE=1 SV=1	Q9STM3	32	154301	5 (2)	4 (1)
Magnesium transporter MRS2-F OS=Oryza sativa subsp. indica GN=MRS2-F PE=3 SV=1	A2WY50	28	48553	3 (1)	3 (1)
Malate dehydrogenase [NADP] 1, chloroplastic OS=Sorghum bicolor PE=1 SV=1	P17606	21	46939	2 (1)	2 (1)
Malate dehydrogenase [NADP], chloroplastic OS=Pisum sativum PE=1 SV=2	P21528	72	48804	4 (1)	4 (1)
Malate dehydrogenase, cytoplasmic 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=MDH2 PE=1 SV=1	P57106	68	35995	6 (2)	6 (2)
Malate dehydrogenase, cytoplasmic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os10g0478200 PE=1 SV=3	Q7XDC8	75	35888	4 (1)	3 (1)
Malate dehydrogenase, glyoxysomal OS=Citrullus lanatus PE=1 SV=1	P19446	52	37955	3 (2)	2 (2)
Malate dehydrogenase, mitochondrial (Fragments) OS=Imperata cylindrica PE=1 SV=1	P84209	132	3108	2 (2)	1 (1)
Malate synthase, glyoxysomal OS=Raphanus sativus GN=MLS PE=2 SV=1	Q43827	23	64553	4 (1)	4 (1)
Malonyl-CoA:anthocyanidin 5-O-glucoside-6"-O-malonyltransferase OS=Arabidopsis thaliana GN=5MAT PE=1 SV=1	Q9LJB4	24	49751	2 (1)	2 (1)
Mannosyl-oligosaccharide glucosidase GCS1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GCS1 PE=1 SV=1	F4HTM3	24	97801	3 (1)	3 (1)
MAR-binding filament-like protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MFP1 PE=2 SV=2	Q9LW85	25	82151	3 (1)	3 (1)
MATH domain and coiled-coil domain-containing protein At1g31400 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g31400 PE=2 SV=1	Q9C869	65	31638	3 (1)	3 (1)
Maturase K OS=Adesmia lanata GN=matK PE=3 SV=1	Q9GI85	29	61376	6 (2)	4 (1)
Mechanosensitive ion channel protein 10 OS=Arabidopsis thaliana GN=MSL10 PE=1 SV=1	Q9LYG9	24	83321	2 (1)	2 (1)
Mechanosensitive ion channel protein 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=MSL2 PE=2 SV=1	Q56X46	26	74838	2 (1)	2 (1)
Mechanosensitive ion channel protein 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=MSL4 PE=3 SV=1	Q9LPG3	26	101035	3 (1)	3 (1)
Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 12 OS=Arabidopsis thaliana GN=MED12 PE=1 SV=1	H3K2Y6	21	249296	9 (1)	9 (1)
Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 33A OS=Arabidopsis thaliana GN=MED33A PE=1 SV=1	Q9LUG9	30	144429	2 (1)	2 (1)
Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 33B OS=Arabidopsis thaliana GN=MED33B PE=1 SV=1	F4IN69	21	140843	3 (1)	3 (1)

Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37f OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37F PE=1 SV=2	Q39043	26	73801	3 (1)	3 (1)
Meiotic recombination protein SPO11-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=SPO11-2 PE=1 SV=1	Q9M4A1	22	43669	1 (1)	1 (1)
Membrane protein of ER body-like protein OS=Arabidopsis thaliana GN=MEBL PE=2 SV=1	Q8LPT3	23	82899	17 (1)	2 (1)
Membrane steroid-binding protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=MSBP2 PE=1 SV=1	Q9M2Z4	56	25367	1 (1)	1 (1)
Membrane-anchored ubiquitin-fold protein 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MUB3 PE=3 SV=1	Q6Z8K4	30	13185	1 (1)	1 (1)
Membrane-anchored ubiquitin-fold protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=MUB5 PE=1 SV=1	Q9SH14	36	13649	5 (1)	4 (1)
Membrane-associated 30 kDa protein, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=IM30 PE=2 SV=1	Q03943	23	35709	2 (1)	1 (1)
Metacaspase-5 OS=Arabidopsis thaliana GN=AMC5 PE=1 SV=1	O64518	24	45217	4 (1)	2 (1)
Metallothionein-like protein 1A OS=Vicia faba GN=MT1A PE=3 SV=1	Q41669	23	8701	2 (1)	2 (1)
Methylenetetrahydrofolate reductase 1 OS=Zea mays PE=2 SV=1	Q9SE94	28	67014	1 (1)	1 (1)
Methylthioribose-1-phosphate isomerase OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g05830 PE=1 SV=2	Q9ZUG4	23	39816	1 (1)	1 (1)
Microtubule-associated protein RP/EB family member 1A OS=Arabidopsis thaliana GN=EB1A PE=1 SV=1	Q7XJ60	27	31232	3 (1)	3 (1)
Mitochondrial adenine nucleotide transporter ADNT1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ADNT1 PE=2 SV=1	O04619	21	38472	3 (1)	2 (1)
Mitochondrial import receptor subunit TOM20-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=TOM20-2 PE=1 SV=2	P82873	33	23326	3 (1)	3 (1)
Mitochondrial outer membrane protein porin 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=VDAC1 PE=1 SV=3	Q6K548	24	29202	1 (1)	1 (1)
Mitochondrial outer membrane protein porin of 34 kDa OS=Solanum tuberosum PE=1 SV=2	P42055	23	29669	3 (1)	3 (1)
Mitogen-activated protein kinase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=MPK4 PE=1 SV=2	Q39024	26	43281	4 (1)	4 (1)
Mitogen-activated protein kinase 9 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MPK9 PE=3 SV=2	Q6L5D4	28	79658	1 (1)	1 (1)
Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=MEKK2 PE=1 SV=1	O81472	23	85492	1 (1)	1 (1)
Mitogen-activated protein kinase kinase kinase ANP1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ANP1 PE=1 SV=2	O22040	26	74165	2 (1)	2 (1)
Molybdopterin synthase sulfur carrier subunit OS=Oryza sativa subsp. indica GN=Osl_07667 PE=3 SV=1	A2X635	23	11146	3 (1)	3 (1)
Monodehydroascorbate reductase, seedling isozyme OS=Cucumis sativus PE=2 SV=1	Q42711	66	47501	2 (1)	1 (1)
Monofunctional pimaradiene synthase OS=Pinus contorta GN=TPS-mPim1 PE=1 SV=1	M4HYC8	21	101066	4 (1)	4 (1)
Multiple organellar RNA editing factor 4, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=MORF4 PE=2 SV=1	O48582	27	79328	3 (1)	3 (1)
Multiprotein-bridging factor 1c OS=Arabidopsis thaliana GN=MBF1C PE=1 SV=1	Q9LV58	23	16393	2 (1)	2 (1)
Myb family transcription factor APL OS=Arabidopsis thaliana GN=APL PE=2 SV=2	Q9SAK5	25	39687	3 (1)	3 (1)
Myosin-17 OS=Arabidopsis thaliana GN=XI-K PE=1 SV=2	F4K5J1	27	174694	2 (1)	2 (1)

Myosin-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=VIII-A PE=2 SV=1	F4I507	22	130783	5 (1)	4 (1)
Myosin-6 OS=Arabidopsis thaliana GN=XI-2 PE=1 SV=1	Q9LKB9	41	171534	14 (3)	10 (2)
Myosin-9 OS=Arabidopsis thaliana GN=XI-C PE=2 SV=1	F4HXP9	27	175998	6 (1)	5 (1)
Myrcene synthase, chloroplastic OS=Abies grandis GN=ag2 PE=1 SV=1	O24474	25	72946	4 (1)	4 (1)
Myrosinase-binding protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=MBP2 PE=2 SV=1	Q9M5W9	30	69737	5 (1)	4 (1)
NAC domain-containing protein 66 OS=Arabidopsis thaliana GN=NAC066 PE=2 SV=1	Q9M274	26	38408	5 (1)	2 (1)
NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit 5, chloroplastic OS=Staurastrum punctulatum GN=ndhF PE=3 SV=1	Q32S06	21	74357	1 (1)	1 (1)
NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Nicotiana plumbaginifolia GN=GAPN PE=2 SV=1	P93338	55	53851	6 (1)	5 (1)
NADP-dependent malic enzyme 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=NADP-ME1 PE=1 SV=1	O82191	77	64523	6 (3)	5 (3)
NADP-dependent malic enzyme 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=NADP-ME2 PE=1 SV=1	Q9LYG3	79	64771	8 (3)	7 (3)
NADP-dependent malic enzyme, chloroplastic OS=Zea mays GN=MOD1 PE=1 SV=1	P16243	32	70293	4 (1)	4 (1)
NifU-like protein 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=NIFU1 PE=1 SV=1	Q93W77	27	24924	1 (1)	1 (1)
Ninja-family protein AFP4 OS=Arabidopsis thaliana GN=AFP4 PE=1 SV=1	Q9S7Z2	25	35661	3 (1)	3 (1)
Ninja-family protein Os05g0558800 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os05g0558800 PE=2 SV=1	Q6AT41	32	47116	3 (1)	3 (1)
Nitrate reductase [NADH] OS=Lotus japonicus GN=NIA PE=3 SV=1	P39869	21	102268	5 (1)	5 (1)
Non-specific lipid-transfer protein (Fragment) OS=Foeniculum vulgare PE=1 SV=1	B3EWP9	44	1185	3 (1)	3 (1)
Non-structural maintenance of chromosomes element 4 homolog A OS=Arabidopsis thaliana GN=NSE4A PE=2 SV=1	Q9C689	24	45396	1 (1)	1 (1)
Non-symbiotic hemoglobin 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=HB3 PE=2 SV=1	Q94FT8	27	18614	4 (1)	3 (1)
NPL4-like protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g47970 PE=1 SV=1	O82264	24	46368	3 (1)	2 (1)
Nuclear pore complex protein NUP155 OS=Arabidopsis thaliana GN=NUP155 PE=1 SV=1	F4HXV6	25	161623	11 (1)	10 (1)
Nucleobase-ascorbate transporter 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=NAT3 PE=2 SV=2	Q8GZD4	21	60417	8 (1)	2 (1)
Nucleoside diphosphate kinase 1 OS=Nicotiana tabacum PE=2 SV=1	Q56E62	22	16286	4 (1)	4 (1)
Nucleoside diphosphate kinase B OS=Flaveria bidentis PE=2 SV=1	P47920	84	16189	3 (1)	3 (1)
Nucleoside diphosphate kinase OS=Capsicum annuum PE=2 SV=1	Q9M7P6	36	16373	2 (1)	2 (1)
Ornithine carbamoyltransferase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=OTC PE=1 SV=2	O50039	28	41261	5 (1)	5 (1)
Oxygen-evolving enhancer protein 1, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=PSBO PE=1 SV=1	P12359	223	35377	7 (6)	6 (6)
Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic OS=Helianthus annuus GN=PSBP PE=1 SV=1	P85189	91	28231	11 (4)	3 (2)



Patellin-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PATL3 PE=1 SV=2	Q56Z59	22	56298	3 (1)	2 (1)
Pathogenesis-related protein 2 OS=Petroselinum crispum GN=PR2 PE=2 SV=1	P27538	47	16847	3 (2)	2 (1)
Pectate lyase OS=Lilium longiflorum PE=2 SV=1	P40973	23	48940	1 (1)	1 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g62590 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g62590 PE=2 SV=1	Q9SXD8	28	71899	8 (1)	7 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g62670, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g62670 PE=3 SV=2	Q9SXD1	28	71826	4 (1)	4 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g71460, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-A3 PE=2 SV=1	Q9C9I3	23	78350	7 (1)	6 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g71490 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E67 PE=2 SV=1	Q9C9I6	23	76440	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g02750 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E22 PE=2 SV=2	Q1PFA6	33	68804	6 (1)	5 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g15630, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g15630 PE=3 SV=1	Q9ZQF1	25	71911	5 (1)	1 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g17033 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g17033 PE=2 SV=1	Q8GWA9	22	56947	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g17140 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g17140 PE=2 SV=1	Q0WZ6	33	99165	5 (1)	5 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g37230 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g37230 PE=2 SV=1	Q9ZUU3	25	86049	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g22690 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-H56 PE=2 SV=1	Q9LUJ2	21	94883	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g49170, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=EMB2261 PE=2 SV=1	Q5G1T1	25	97030	4 (1)	4 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g49740 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E84 PE=2 SV=1	Q9M2Y4	25	82987	3 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At4g02750 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-H24 PE=3 SV=1	Q9SY02	29	90062	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At4g18975, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g18975 PE=2 SV=2	Q2V3H0	26	33459	1 (1)	1 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g02830, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g02830 PE=2 SV=3	Q8GYL7	23	96524	3 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g08305 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E105 PE=2 SV=1	P0C8Q7	24	60563	3 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g12100, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g12100 PE=2 SV=1	Q9FMQ1	22	92999	5 (1)	4 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g18475 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g18475 PE=2 SV=1	Q3E9F0	24	58164	3 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g19020, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E42 PE=2 SV=1	P0C8Q8	25	77452	7 (1)	7 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g28460 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g28460 PE=2 SV=1	Q9LKU8	21	87822	10 (2)	9 (2)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At5g55740, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CRR21 PE=2 SV=1	Q9FM64	26	93388	9 (1)	8 (1)
Peptide methionine sulfoxide reductase (Fragment) OS=Solanum lycopersicum GN=E4 PE=3 SV=1	P54153	60	22247	3 (2)	2 (2)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase 1 OS=Glycine max GN=Cyp1 PE=2 SV=1	Q8W171	23	18395	1 (1)	1 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP19-3 PE=2 SV=2	Q38867	45	19136	3 (1)	2 (1)



Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP19-4 PE=1 SV=2	Q8LDP4	43	21577	2 (1)	2 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP16-3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=FKBP16-3 PE=1 SV=2	O22870	69	23720	3 (1)	3 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase Pin1 OS=Malus domestica GN=PIN1 PE=2 SV=1	Q94G00	24	13269	2 (1)	2 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=TLP40 PE=1 SV=1	O49939	36	50069	2 (1)	2 (1)
Peptidyl-tRNA hydrolase, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g19830 PE=2 SV=1	Q6NLS8	32	24811	1 (1)	1 (1)
Peroxidase 2 (Fragment) OS=Daucus carota PE=1 SV=1	P86055	49	1728	1 (1)	1 (1)
Peroxidase 4 OS=Vitis vinifera GN=GSVIVT00023967001 PE=1 SV=1	A7NY33	25	34495	3 (1)	3 (1)
Peroxidase 53 OS=Arabidopsis thaliana GN=PER53 PE=1 SV=1	Q42578	51	35480	1 (1)	1 (1)
Peroxiredoxin Q, chloroplastic OS=Gentiana triflora GN=AFP1 PE=1 SV=1	Q75SY5	118	24141	4 (2)	3 (1)
Peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase GLO1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=GLO1 PE=3 SV=1	B8AKX6	40	40415	6 (1)	6 (1)
Peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase GLO2 OS=Arabidopsis thaliana GN=GLO2 PE=1 SV=1	Q9LRS0	92	40338	6 (2)	5 (2)
Peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase OS=Spinacia oleracea PE=1 SV=1	P05414	57	40317	6 (2)	5 (2)
Peroxisomal fatty acid beta-oxidation multifunctional protein AIM1 OS=Arabidopsis thaliana GN=AIM1 PE=1 SV=1	Q9ZPI6	21	78208	1 (1)	1 (1)
Peroxisomal isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Arabidopsis thaliana GN=ICDH PE=1 SV=1	Q9SLK0	28	47546	3 (1)	3 (1)
Peroxisome biogenesis protein 16 OS=Arabidopsis thaliana GN=PEX16 PE=1 SV=1	Q8S8S1	21	41585	2 (1)	2 (1)
Peroxisome biogenesis protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=PEX5 PE=1 SV=1	Q9FMA3	22	81089	2 (1)	2 (1)
PHD finger protein ING2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ING2 PE=1 SV=1	B3H615	23	30617	1 (1)	1 (1)
Phenylalanine ammonia-lyase 2 (Fragment) OS=Solanum tuberosum GN=PAL-2 PE=3 SV=1	P31426	25	64445	6 (1)	5 (1)
Phenylalanine ammonia-lyase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PAL2 PE=1 SV=2	P45724	24	78381	4 (1)	4 (1)
Phenylalanine ammonia-lyase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ZB8 PE=2 SV=1	Q0DZE0	21	77617	2 (1)	2 (1)
Phenylalanine--tRNA ligase, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g58140 PE=1 SV=1	Q94K73	26	49620	2 (1)	2 (1)
Phosphate transporter PHO1 homolog 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=PHO1-H8 PE=2 SV=1	Q6R8G2	26	87910	5 (1)	4 (1)
Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=PIP5K7 PE=1 SV=1	Q9SUI2	24	86527	3 (1)	3 (1)
Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase 2, chloroplastic OS=Solanum tuberosum GN=SHKB PE=2 SV=1	P37822	23	57344	3 (1)	3 (1)
Phosphoenolpyruvate carboxylase 1 OS=Mesembryanthemum crystallinum GN=PPCA PE=2 SV=1	P10490	29	111160	13 (1)	9 (1)
Phosphoenolpyruvate carboxylase 2 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=Ppc2 PE=2 SV=1	Q6R2V6	27	131844	9 (1)	9 (1)
Phosphoenolpyruvate carboxylase 3 OS=Sorghum bicolor PE=1 SV=2	P15804	23	108931	2 (1)	2 (1)

Phosphoenolpyruvate carboxylase, housekeeping isozyme OS=Glycine max GN=PPC16 PE=2 SV=1	Q02909	40	111073	7 (1)	7 (1)
Phosphoglucomutase, chloroplastic OS=Solanum tuberosum GN=PGMP PE=2 SV=1	Q9M4G5	25	69091	6 (1)	6 (1)
Phosphoglucomutase, cytoplasmic OS=Populus tremula GN=PGM1 PE=2 SV=1	Q9ZSQ4	115	63369	4 (2)	4 (2)
Phosphoglycerate kinase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PGK1 PE=1 SV=1	Q9LD57	182	50195	12 (5)	9 (4)
Phosphoglycerate kinase, chloroplastic (Fragment) OS=Spinacia oleracea PE=2 SV=2	P29409	102	45658	6 (3)	5 (3)
Phosphoglycerate kinase, cytosolic OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	P12783	24	42153	1 (1)	1 (1)
Phosphoinositide phosphatase SAC4 OS=Arabidopsis thaliana GN=SAC4 PE=2 SV=1	Q7XZU1	24	94843	5 (1)	5 (1)
Phosphoinositide phospholipase C 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=PLC5 PE=2 SV=2	Q944C2	26	66723	4 (1)	4 (1)
Phospholipase A1-IIalpha OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g06250 PE=2 SV=1	Q9LNC2	23	48206	4 (1)	4 (1)
Phospholipase D gamma 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PLDGAMMA2 PE=1 SV=3	Q9T051	43	96647	6 (2)	6 (2)
Phosphoribulokinase, chloroplastic OS=Mesembryanthemum crystallinum PE=2 SV=1	P27774	88	44486	4 (3)	3 (2)
Photosystem I assembly protein Ycf4 OS=Cycas taitungensis GN=ycf4 PE=3 SV=1	A6H5I8	30	21721	5 (1)	4 (1)
Photosystem I iron-sulfur center OS=Coffea arabica GN=psaC PE=3 SV=1	A0A386	220	9545	6 (6)	4 (4)
Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A1 OS=Nephroselmis olivacea GN=psaA PE=3 SV=1	Q9TKW2	22	83157	1 (1)	1 (1)
Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A2 OS=Coffea arabica GN=psaB PE=3 SV=1	A0A334	86	82501	2 (1)	2 (1)
Photosystem I reaction center subunit II, chloroplastic OS=Solanum lycopersicum GN=psaD PE=2 SV=1	P12372	140	22961	5 (3)	4 (2)
Photosystem I reaction center subunit II-1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=psaD1 PE=1 SV=1	Q9S7H1	331	22641	16 (8)	5 (3)
Photosystem I reaction center subunit II-2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PSAD2 PE=1 SV=1	Q9SA56	112	22350	3 (2)	3 (2)
Photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PSAF PE=1 SV=1	Q9SHE8	56	24329	2 (2)	2 (2)
Photosystem I reaction center subunit IV, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=PSAE-1 PE=1 SV=1	P12354	100	13359	3 (3)	2 (2)
Photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PSAN PE=1 SV=2	P49107	25	18702	4 (1)	4 (1)
Photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PSAN PE=1 SV=2	P49107	92	18702	3 (2)	3 (2)
Photosystem I reaction center subunit psaK, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PSAK PE=2 SV=2	Q9SUI5	57	13312	2 (1)	2 (1)
Photosystem I reaction center subunit VI, chloroplastic OS=Brassica campestris GN=PSAH PE=2 SV=1	O04006	44	15400	2 (1)	2 (1)
Photosystem II 10 kDa polypeptide, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=PSBR PE=2 SV=1	P10690	54	14385	2 (1)	1 (1)
Photosystem II 22 kDa protein, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=PSBS PE=1 SV=1	Q02060	31	29179	2 (1)	2 (1)
Photosystem II CP43 reaction center protein OS=Gossypium barbadense GN=psbC PE=3 SV=1	A0ZZ31	235	50470	14 (7)	10 (5)

Photosystem II CP47 reaction center protein OS=Coffea arabica GN=psbB PE=3 SV=1	A0A361	248	56194	9 (7)	7 (6)
Photosystem II D2 protein OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=psbD PE=3 SV=1	P06007	263	39650	11 (6)	8 (4)
Photosystem II protein D1 OS=Leptosira terrestris GN=psbA PE=3 SV=2	A6YGB8	238	38353	15 (8)	5 (3)
Photosystem II reaction center protein H OS=Lactuca sativa GN=psbH PE=3 SV=1	Q332U8	25	7738	1 (1)	1 (1)
Phragmoplast orienting kinesin 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=POK2 PE=2 SV=1	Q27IK6	22	317659	13 (1)	11 (1)
Phytochrome A OS=Cucurbita pepo GN=PHYA PE=2 SV=1	P06592	22	126142	5 (1)	5 (1)
Phytochrome OS=Picea abies PE=2 SV=1	Q40762	24	127241	6 (1)	6 (1)
Plasma membrane ATPase OS=Dunaliella bioculata GN=PMA1 PE=2 SV=1	P54211	22	124284	9 (1)	9 (1)
Plastocyanin minor isoform, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PETE PE=1 SV=2	P11490	25	17635	3 (1)	2 (1)
Pleiotropic drug resistance protein 3 OS=Nicotiana tabacum GN=PDR3 PE=2 SV=1	Q5W274	23	164252	2 (1)	2 (1)
P-loop NTPase domain-containing protein LPA1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=LPA1 PE=2 SV=1	B9F4I8	22	79497	5 (1)	5 (1)
Pollen receptor-like kinase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PRK2 PE=1 SV=1	Q84JQ4	53	72989	11 (2)	8 (1)
Poly [ADP-ribose] polymerase 1 OS=Zea mays GN=PARP1 PE=2 SV=1	Q9ZSV1	33	111545	6 (1)	5 (1)
Polyadenylate-binding protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PAB3 PE=2 SV=1	O64380	26	73055	6 (1)	5 (1)
Polyadenylate-binding protein RBP45A OS=Arabidopsis thaliana GN=RBP45A PE=2 SV=1	Q9FPJ8	30	42411	2 (1)	2 (1)
Polyadenylate-binding protein RBP47B' OS=Arabidopsis thaliana GN=RBP47B' PE=2 SV=1	Q8VXZ9	27	46739	1 (1)	1 (1)
Polyphenol oxidase II, chloroplastic OS=Ipomoea batatas GN=co-2 PE=2 SV=2	Q9MB14	26	66065	2 (1)	2 (1)
Polyribonucleotide nucleotidyltransferase 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PNP2 PE=2 SV=1	Q9S7G6	21	108560	5 (2)	3 (1)
Polyubiquitin 12 OS=Arabidopsis thaliana GN=UBQ12 PE=3 SV=1	Q3E7K8	32	25827	2 (1)	2 (1)
Potassium channel AKT3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os07g0175400 PE=3 SV=1	Q8H569	35	100084	2 (1)	2 (1)
Presequence protease 1, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PREP1 PE=1 SV=2	Q9LJL3	83	121680	7 (1)	7 (1)
Probable 30S ribosomal protein 3, chloroplastic OS=Mesostigma viride GN=ycf65 PE=3 SV=1	Q9MUN2	29	14696	1 (1)	1 (1)
Probable adenylate kinase 7, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g01820 PE=2 SV=1	Q8L7W7	22	29493	1 (1)	1 (1)
Probable ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD6 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGD6 PE=1 SV=1	Q9M354	24	49922	19 (1)	5 (1)
Probable aldo-keto reductase 1 OS=Glycine max GN=AKR1 PE=2 SV=1	C6TBN2	63	38457	5 (1)	5 (1)
Probable aldo-keto reductase 2 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=Osl_15387 PE=3 SV=1	A2XRZ0	174	38437	6 (5)	4 (4)
Probable alkaline/neutral invertase A, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=INVH PE=2 SV=1	Q84JL5	25	72672	6 (2)	5 (1)

Probable alpha-glucosidase Os06g0675700 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os06g0675700 PE=1 SV=1	Q653V7	45	96503	4 (1)	3 (1)
Probable aminopyrimidine aminohydrolase, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TNEA_C PE=2 SV=1	F4KFT7	22	69604	4 (1)	4 (1)
Probable aminotransferase TAT2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g53970 PE=2 SV=1	Q9FN30	25	46386	1 (1)	1 (1)
Probable aminotransferase TAT3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TAT3 PE=2 SV=1	Q9SK47	24	49358	2 (1)	2 (1)
Probable anion transporter 6 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=PHT4;6 PE=2 SV=1	Q53P54	26	47093	3 (1)	2 (1)
Probable beta-1,3-galactosyltransferase 20 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=B3GALT20 PE=2 SV=1	A7XDQ9	26	78546	4 (1)	4 (1)
Probable cyclic nucleotide-gated ion channel 10 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CNGC10 PE=2 SV=2	Q9LNJ0	29	82585	3 (1)	3 (1)
Probable cyclic nucleotide-gated ion channel 17 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CNGC17 PE=2 SV=1	Q8L7Z0	53	84106	4 (2)	3 (1)
Probable DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 48 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RH48 PE=3 SV=1	Q9C8S9	28	90162	11 (1)	9 (1)
Probable disease resistance protein RPP1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPP1 PE=2 SV=1	F4J339	27	137927	7 (1)	7 (1)
Probable E3 ubiquitin-protein ligase ARI12 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ARI12 PE=2 SV=2	Q84RQ9	34	57827	3 (1)	3 (1)
Probable elongation factor 1-gamma 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g57720 PE=2 SV=1	Q9FVT2	23	46598	7 (1)	3 (1)
Probable fructose-bisphosphate aldolase 2, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=FBA2 PE=1 SV=2	Q944G9	23	43132	4 (1)	4 (1)
Probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase BG5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BG5 PE=2 SV=1	O49353	22	38910	1 (1)	1 (1)
Probable glucuronoxylan glucuronosyltransferase F8H OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=F8H PE=2 SV=1	Q6NMM8	25	54231	3 (1)	3 (1)
Probable glutamate dehydrogenase 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GSH3 PE=3 SV=1	Q9S7A0	26	44785	2 (1)	2 (1)
Probable glutathione S-transferase parC OS= <i>Nicotiana tabacum</i> GN=PARC PE=2 SV=1	P49332	39	25954	3 (1)	2 (1)
Probable glycosyltransferase At3g42180 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g42180 PE=2 SV=2	Q3EAR7	34	54633	2 (1)	2 (1)
Probable glycosyltransferase At5g11130 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g11120/At5g11130 PE=3 SV=2	Q9LFP3	28	55784	2 (1)	1 (1)
Probable histidine kinase 2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=HK2 PE=3 SV=1	A2YA15	29	115798	5 (1)	5 (1)
Probable histone H2A variant 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os03g0162200 PE=2 SV=1	Q8H7Y8	55	14547	1 (1)	1 (1)
Probable histone H2A.5 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=OsI_002060 PE=3 SV=1	A2WQG7	46	16391	3 (2)	3 (2)
Probable inactive ATP-dependent zinc metalloprotease FTSHI 1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=FTSHI1 PE=1 SV=1	O22993	23	105705	7 (1)	6 (1)
Probable inactive purple acid phosphatase 24 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PAP24 PE=2 SV=1	Q8H1R2	33	69824	4 (1)	4 (1)
Probable intracellular pathogenesis-related protein T1 OS= <i>Catharanthus roseus</i> GN=PCKR3 PE=1 SV=2	P93105	95	16983	1 (1)	1 (1)
Probable ion channel POLLUX OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g49960 PE=2 SV=1	Q9LTX4	27	93147	6 (1)	6 (1)
Probable lactoylglutathione lyase, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g67280 PE=1 SV=1	Q8W593	52	39427	2 (1)	2 (1)

Probable LL-diaminopimelate aminotransferase, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=AGD2 PE=2 SV=1	Q10MQ2	39	50225	2 (1)	2 (1)
Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g30520 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At4g30520 PE=2 SV=1	Q8VYT3	26	71776	1 (1)	1 (1)
Probable mannan synthase 2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CSLA2 PE=2 SV=2	Q7PC67	22	65869	5 (1)	5 (1)
Probable metal-nicotianamine transporter YSL18 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=YSL18 PE=2 SV=1	Q941V3	29	74455	2 (1)	2 (1)
Probable methyltransferase PMT3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At4g14360 PE=2 SV=1	Q93YV7	21	69991	3 (1)	3 (1)
Probable mitochondrial-processing peptidase subunit beta OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g02090 PE=2 SV=2	Q42290	26	59180	2 (1)	2 (1)
Probable mixed-linked glucan synthase 6 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CSLF6 PE=2 SV=1	Q84UP7	23	105826	4 (2)	4 (2)
Probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 12 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PME12 PE=2 SV=1	O48711	27	60835	3 (1)	3 (1)
Probable phosphoglucomutase, cytoplasmic 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g23190 PE=2 SV=2	O49299	110	63359	4 (3)	4 (3)
Probable phosphoglucomutase, cytoplasmic 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g70730 PE=2 SV=1	Q9SGC1	110	63670	4 (3)	4 (3)
Probable polyribonucleotide nucleotidyltransferase 1, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=PNP1 PE=2 SV=1	Q69LE7	35	98023	2 (1)	2 (1)
Probable protein phosphatase 2C 19 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os02g0599700 PE=3 SV=2	Q0DZT4	31	72048	5 (1)	4 (1)
Probable protein phosphatase 2C 62 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At4g33500 PE=2 SV=1	Q93V88	22	79275	2 (1)	2 (1)
Probable protein phosphatase 2C 72 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os10g0544900 PE=2 SV=1	Q7XCJ7	25	43628	1 (1)	1 (1)
Probable protein S-acyltransferase 9 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PAT09 PE=2 SV=1	Q8VYS8	24	47815	2 (1)	2 (1)
Probable receptor-like protein kinase At2g23200 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At2g23200 PE=3 SV=1	O22187	24	93720	4 (1)	4 (1)
Probable receptor-like protein kinase At2g42960 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At2g42960 PE=3 SV=1	Q9SJG2	24	55495	5 (1)	4 (1)
Probable ribose-5-phosphate isomerase 3, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPI3 PE=1 SV=1	Q9S726	22	29401	1 (1)	1 (1)
Probable steroid-binding protein 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MP3 PE=1 SV=1	Q9SK39	26	11024	1 (1)	1 (1)
Probable sucrose-phosphate synthase 4 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=SPS4 PE=2 SV=1	Q6ZHZ1	37	119278	29 (1)	9 (1)
Probable sugar phosphate/phosphate translocator At2g25520 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At2g25520 PE=1 SV=1	Q9SKJ7	26	38921	3 (1)	3 (1)
Probable sulfate/thiosulfate import ATP-binding protein CysA OS= <i>Chlorella vulgaris</i> GN=cysA PE=3 SV=1	P56344	21	26423	2 (1)	2 (1)
Probable terpene synthase 2 OS= <i>Ricinus communis</i> GN=TPS2 PE=3 SV=1	B9SCB6	28	64038	2 (1)	2 (1)
Probable transmembrane ascorbate ferrireductase 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CYB561C PE=2 SV=1	Q67ZF6	32	24879	3 (1)	3 (1)
Probable UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g03250 PE=1 SV=1	Q9M9P3	28	51877	3 (1)	3 (1)
Probable WRKY transcription factor 20 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=WRKY20 PE=2 SV=1	Q93WV0	24	61338	5 (1)	4 (1)
Probable WRKY transcription factor 41 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=WRKY41 PE=2 SV=2	Q8H0Y8	22	35044	3 (1)	3 (1)

Probable WRKY transcription factor 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=WRKY9 PE=2 SV=1	Q9C9F0	25	43115	2 (1)	2 (1)
Probable xyloglucan glycosyltransferase 12 OS=Arabidopsis thaliana GN=CSLC12 PE=1 SV=1	Q9ZQB9	23	80812	7 (1)	3 (1)
Probable xyloglucan glycosyltransferase 9 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CSLC9 PE=2 SV=2	Q6AU53	21	68786	2 (1)	2 (1)
Probable zinc metalloprotease EGY2, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=EGY2 PE=2 SV=1	Q0JQS5	22	58939	1 (1)	1 (1)
Profilin-2 OS=Artemisia vulgaris PE=1 SV=3	Q8H2C8	23	14476	4 (1)	3 (1)
Profilin-4 OS=Phleum pratense PE=1 SV=1	A4KA31	21	14264	1 (1)	1 (1)
Prohibitin-5, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PHB5 PE=3 SV=1	Q9LY99	26	27375	2 (1)	2 (1)
Proline-rich receptor-like protein kinase PERK8 OS=Arabidopsis thaliana GN=PERK8 PE=1 SV=1	Q9FFW5	22	72573	4 (1)	3 (1)
Proteasome subunit alpha type-4 OS=Petunia hybrida GN=PAC1 PE=2 SV=1	O82530	60	27386	3 (1)	2 (1)
Proteasome subunit alpha type-5 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PAE1 PE=2 SV=1	Q9LSU1	81	26148	2 (1)	2 (1)
Proteasome subunit alpha type-6 OS=Nicotiana tabacum GN=PAA1 PE=2 SV=1	Q9XG77	43	27400	1 (1)	1 (1)
Protein AIG1 OS=Arabidopsis thaliana GN=AIG1 PE=2 SV=1	P54120	21	40272	5 (1)	5 (1)
Protein argonaute 2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=AGO2 PE=2 SV=2	Q7XTS4	24	112458	5 (1)	5 (1)
Protein argonaute 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGO7 PE=2 SV=1	Q9C793	24	114465	8 (1)	6 (1)
Protein BCCIP homolog OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g44510 PE=1 SV=2	O64885	26	38207	1 (1)	1 (1)
Protein BREAST CANCER SUSCEPTIBILITY 2 homolog B OS=Arabidopsis thaliana GN=BRCA2B PE=1 SV=1	Q7Y1C4	22	128259	3 (1)	1 (1)
Protein BTR1 OS=Arabidopsis thaliana GN=BTR1 PE=1 SV=1	Q9LZ82	22	33857	4 (1)	3 (1)
Protein BZR1 homolog 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=BZR3 PE=2 SV=1	Q5Z9E5	25	37727	2 (1)	1 (1)
Protein C2-DOMAIN ABA-RELATED 11 OS=Arabidopsis thaliana GN=CAR11 PE=1 SV=1	Q9FIK8	25	18552	2 (1)	2 (1)
Protein DEFECTIVE IN EXINE FORMATION 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=DEX1 PE=2 SV=1	F4IYM4	34	100048	2 (1)	2 (1)
Protein DEHYDRATION-INDUCED 19 OS=Arabidopsis thaliana GN=DI19-1 PE=1 SV=2	Q39083	29	23603	2 (1)	1 (1)
Protein DETOXIFICATION 32 OS=Arabidopsis thaliana GN=DTX32 PE=3 SV=1	F4I4Q3	36	56896	2 (1)	2 (1)
Protein DETOXIFICATION 41 OS=Arabidopsis thaliana GN=DTX41 PE=2 SV=1	Q9LYT3	30	55567	3 (1)	2 (1)
Protein disulfide isomerase-like 1-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PDIL1-3 PE=2 SV=1	Q8VX13	25	64400	1 (1)	1 (1)
Protein EDS1B OS=Arabidopsis thaliana GN=EDS1B PE=1 SV=1	Q9SU71	21	72042	7 (1)	4 (1)
Protein EMBRYONIC FLOWER 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=EMF1 PE=1 SV=1	Q9LYD9	21	122850	4 (1)	4 (1)
Protein FAR1-RELATED SEQUENCE 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=FRS2 PE=1 SV=1	Q3EBQ3	26	93335	3 (1)	3 (1)

Protein FREE1 OS=Arabidopsis thaliana GN=FREE1 PE=1 SV=1	Q9ASS2	26	66153	3 (1)	3 (1)
Protein GAMETE EXPRESSED 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=GEX3 PE=2 SV=1	Q9LFS2	33	73807	2 (1)	2 (1)
Protein HAPLESS 2-B OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=HAP2B PE=3 SV=1	B9G4M9	41	80739	9 (1)	4 (1)
Protein HUA2-LIKE 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=HULK1 PE=2 SV=1	Q9LEY4	21	157484	9 (1)	9 (1)
Protein indeterminate-domain 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=IDD9 PE=2 SV=1	Q944L3	28	50480	2 (1)	2 (1)
Protein LE25 OS=Solanum lycopersicum GN=LE25 PE=2 SV=1	Q00747	32	9253	2 (1)	2 (1)
Protein MEI2-like 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=ML3 PE=2 SV=2	Q9SVV9	26	84689	2 (1)	2 (1)
Protein MEI2-like 6 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ML6 PE=2 SV=1	Q652K6	21	35631	4 (1)	4 (1)
Protein NETWORKED 1C OS=Arabidopsis thaliana GN=NET1C PE=3 SV=1	Q9ZQX8	22	128315	8 (1)	6 (1)
Protein NETWORKED 2C OS=Arabidopsis thaliana GN=NET2C PE=2 SV=1	Q8LPQ1	22	97108	2 (1)	2 (1)
Protein NLP2 OS=Arabidopsis thaliana GN=NLP2 PE=2 SV=3	Q7X9B9	26	108181	7 (1)	7 (1)
Protein NRT1/ PTR FAMILY 2.11 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPF2.11 PE=1 SV=1	Q9LV10	32	68303	2 (1)	1 (1)
Protein NRT1/ PTR FAMILY 5.7 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPF5.7 PE=2 SV=2	Q9M331	22	67419	2 (1)	2 (1)
Protein OSB2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=OSB2 PE=1 SV=2	Q8GXH3	34	41761	1 (1)	1 (1)
Protein phosphatase 2C 56 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABI1 PE=1 SV=2	P49597	25	47989	3 (1)	3 (1)
Protein PLASTID TRANSCRIPTIONALLY ACTIVE 14 OS=Arabidopsis thaliana GN=PTAC14 PE=1 SV=1	Q84JF5	25	55917	4 (1)	3 (1)
Protein POLLENLESS 3-LIKE 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g51280 PE=2 SV=1	Q9SD20	24	48403	6 (1)	6 (1)
Protein RAFTIN 1B OS=Triticum aestivum GN=RAFTIN1B PE=1 SV=1	Q70KG3	21	38631	1 (1)	1 (1)
Protein RETICULATA-RELATED 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=RER3 PE=1 SV=1	Q9C9Z2	22	35515	4 (1)	2 (1)
Protein ROOT HAIR DEFECTIVE 3 homolog 2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os11g0582300 PE=2 SV=1	Q2R224	24	92351	6 (1)	6 (1)
Protein ROS1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ROS1 PE=1 SV=2	Q9SJK6	22	158330	8 (1)	8 (1)
Protein rough sheath 2 homolog OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RS2 PE=2 SV=1	Q94IB1	28	39359	2 (1)	1 (1)
Protein SAD1/UNC-84 domain protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=SUN1 PE=1 SV=1	Q9FF75	35	51641	6 (1)	5 (1)
Protein SPIRAL1-like 2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os11g0629400 PE=3 SV=1	Q2R0W8	24	11376	2 (1)	2 (1)
Protein TIC 214 OS=Acorus calamus GN=TIC214 PE=3 SV=1	Q3V4X6	68	227744	13 (3)	12 (2)
Protein TIC 62, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=TIC62 PE=1 SV=2	Q8SKU2	25	57095	2 (1)	2 (1)
Protein TIC110, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=TIC110 PE=1 SV=1	O24303	51	110598	4 (1)	4 (1)



Protein TIFY 11f OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=TIFY11F PE=3 SV=1	Q7XEZ4	26	35455	3 (1)	3 (1)
Protein TIME FOR COFFEE OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TIC PE=1 SV=2	Q94KE2	24	164697	13 (1)	7 (1)
Protein TONSOKU OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TSK PE=1 SV=2	Q6Q4D0	27	148841	3 (1)	3 (1)
Protein translocase subunit SecA, chloroplastic OS= <i>Ostreococcus lucimarinus</i> (strain CCE9901) GN=secA PE=3 SV=1	A4RW83	40	105422	3 (1)	3 (1)
Protein WEAK CHLOROPLAST MOVEMENT UNDER BLUE LIGHT-like 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=WEL1 PE=2 SV=1	Q9SZB6	30	87227	4 (1)	4 (1)
Protein WRKY1 OS= <i>Zea mays</i> PE=1 SV=1	Q32SG4	31	43284	1 (1)	1 (1)
Protein Ycf2 OS= <i>Psilotum nudum</i> GN=ycf2 PE=3 SV=1	Q8WHW9	34	274718	7 (1)	7 (1)
Protein-tyrosine-phosphatase MKP1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MKP1 PE=1 SV=1	Q9C5S1	34	87107	2 (1)	2 (1)
Protochlorophyllide reductase B, chloroplastic OS= <i>Hordeum vulgare</i> GN=PORB PE=2 SV=1	Q42850	27	42350	4 (1)	4 (1)
Protochlorophyllide reductase C, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PORC PE=1 SV=1	O48741	26	44084	4 (2)	3 (2)
Protochlorophyllide reductase, chloroplastic OS= <i>Daucus carota</i> GN=POR1 PE=2 SV=1	Q9SDT1	34	43623	4 (1)	1 (1)
Proton pump-interactor 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PPI4 PE=2 SV=1	Q8VZN4	26	51385	6 (2)	2 (1)
Pumilio homolog 12 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=APUM12 PE=2 SV=2	Q9LVC3	24	69426	2 (2)	2 (2)
Putative 12-oxophytodienoate reductase 12 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=OPR12 PE=2 SV=2	B9FFD2	21	43846	3 (1)	3 (1)
Putative 2-Cys peroxiredoxin BAS1 (Fragments) OS= <i>Pinus strobus</i> PE=1 SV=1	P84729	26	5890	2 (1)	2 (1)
Putative 4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g16450 PE=1 SV=1	Q9FFE0	41	18094	2 (1)	2 (1)
Putative 4-hydroxy-4-methyl-2-oxoglutarate aldolase 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g56260 PE=1 SV=1	Q9FH13	60	17841	1 (1)	1 (1)
Putative acid phosphatase PS18 (Fragment) OS= <i>Pinus strobus</i> PE=1 SV=1	P84734	35	1045	2 (2)	1 (1)
Putative ammonium transporter 1 member 5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=AMT1-5 PE=3 SV=1	Q9LK16	23	53118	1 (1)	1 (1)
Putative AP2/ERF and B3 domain-containing protein Os01g0140700 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os01g0140700 PE=3 SV=1	Q9AWS7	21	35389	2 (1)	2 (1)
Putative B3 domain-containing protein Os04g0346900 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os04g0346900 PE=3 SV=2	Q7XS75	26	47194	2 (1)	2 (1)
Putative B3 domain-containing protein Os11g0625400 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os11g0625400 PE=3 SV=1	Q2R0Z3	23	24167	2 (1)	2 (1)
Putative beta-glucosidase 17 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=BGLU17 PE=5 SV=3	Q7XSK1	25	33923	8 (1)	4 (1)
Putative beta-glucosidase 9 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=BGLU9 PE=5 SV=2	B7ECS8	21	35982	2 (1)	1 (1)
Putative BTB/POZ domain-containing protein At3g49970 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g49970 PE=3 SV=1	Q9SN21	27	60457	3 (1)	3 (1)
Putative caffeoyl-CoA O-methyltransferase At1g67980 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g67980 PE=2 SV=1	Q9C9W3	26	26212	3 (1)	3 (1)
Putative calcium-transporting ATPase 7, plasma membrane-type OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ACA7 PE=3 SV=2	O64806	27	111671	3 (1)	3 (1)



Putative callose synthase 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=CALS8 PE=2 SV=2	Q9LUD7	23	229592	4 (1)	4 (1)
Putative chaperone protein ClpB2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CLPB2 PE=3 SV=1	F4JVJ1	23	68969	4 (1)	4 (1)
Putative cyclic nucleotide-gated ion channel 15 OS=Arabidopsis thaliana GN=CNGC15 PE=3 SV=1	Q9SL29	24	79584	4 (2)	3 (1)
Putative cyclic nucleotide-gated ion channel 19 OS=Arabidopsis thaliana GN=CNGC19 PE=3 SV=1	Q9LDR2	25	84680	1 (1)	1 (1)
Putative cyclic nucleotide-gated ion channel 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=CNGC7 PE=3 SV=1	Q9S9N5	31	85379	5 (1)	5 (1)
Putative cyclin-F1-2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CYCF1-2 PE=3 SV=1	Q6K8S5	25	39696	3 (1)	3 (1)
Putative cytochrome c oxidase subunit II PS17 (Fragments) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84733	40	1707	3 (3)	2 (2)
Putative disease resistance protein At4g10780 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g10780 PE=3 SV=1	O82484	27	103162	4 (1)	4 (1)
Putative E3 ubiquitin-protein ligase RF298 OS=Arabidopsis thaliana GN=RF298 PE=2 SV=1	Q0WJP7	21	91015	2 (1)	2 (1)
Putative fatty acyl-CoA reductase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=FAR7 PE=3 SV=1	Q9FMQ9	23	47244	4 (1)	4 (1)
Putative F-box protein At2g02030 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g02030 PE=3 SV=1	Q9ZPS1	30	38581	2 (1)	2 (1)
Putative F-box protein At2g39415 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g39415 PE=3 SV=1	Q3EBJ8	29	13380	1 (1)	1 (1)
Putative F-box protein At3g58950 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g58950 PE=3 SV=1	Q9LXQ7	32	48708	1 (1)	1 (1)
Putative F-box protein At5g41510 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g41510 PE=3 SV=1	Q9FFS9	21	47846	2 (1)	1 (1)
Putative F-box protein At5g50220 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g50220 PE=3 SV=1	Q9FGS3	29	42108	2 (1)	1 (1)
Putative F-box/FBD/LRR-repeat protein At1g66300 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g66300 PE=4 SV=1	Q9C8Y7	32	53329	3 (1)	3 (1)
Putative F-box/kelch-repeat protein At2g21680 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g21680 PE=4 SV=2	Q9SIJ3	24	49435	3 (1)	3 (1)
Putative F-box/LRR-repeat protein At5g38386 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g38386 PE=3 SV=1	Q3E8L5	22	47421	4 (1)	4 (1)
Putative heat shock protein 2 (Fragment) OS=Pseudotsuga menziesii PE=1 SV=1	P85917	28	973	1 (1)	1 (1)
Putative inactive receptor-like protein kinase At1g64210 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g64210 PE=3 SV=1	Q9SH71	21	65860	2 (1)	2 (1)
Putative indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.9 OS=Arabidopsis thaliana GN=GH3.9 PE=2 SV=1	O82243	29	67142	1 (1)	1 (1)
Putative laccase-19 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=LAC19 PE=3 SV=1	A2Y9C5	21	66376	1 (1)	1 (1)
Putative linoleate 9S-lipoxygenase 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os03g0700400 PE=3 SV=1	Q7G794	89	96305	7 (2)	6 (1)
Putative lipoxygenase 5 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os04g0447100 PE=3 SV=2	Q7XV13	24	100646	5 (1)	4 (1)
Putative LRR disease resistance protein/transmembrane receptor kinase PS4 (Fragment) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84720	39	870	2 (2)	1 (1)
Putative myrosinase 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=TGG6 PE=5 SV=2	Q9C8K1	48	55948	3 (2)	3 (2)
Putative pectinesterase/pectinesterase inhibitor 43 OS=Arabidopsis thaliana GN=PME43 PE=2 SV=1	O23447	21	79151	8 (1)	6 (1)

Putative pentatricopeptide repeat-containing protein At1g74580 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g74580 PE=3 SV=1	Q9CA58	33	87139	4 (1)	4 (1)
Putative pentatricopeptide repeat-containing protein At3g15930 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E51 PE=3 SV=2	Q9LSB8	25	78717	4 (1)	4 (1)
Putative pentatricopeptide repeat-containing protein At5g37570 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E37 PE=3 SV=1	Q9FHR3	22	62410	5 (1)	5 (1)
Putative peroxiredoxin Q, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. indica GN=Osl_22010 PE=1 SV=1	P0C5D4	28	24008	5 (2)	4 (2)
Putative phosphoglycerate kinase (Fragments) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84731	22	2858	1 (1)	1 (1)
Putative protein NRT1/ PTR FAMILY 2.14 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPF2.14 PE=5 SV=1	Q9CAR9	31	62881	5 (2)	4 (1)
Putative respiratory burst oxidase homolog protein G OS=Arabidopsis thaliana GN=RBOHG PE=2 SV=2	Q9SW17	24	97427	2 (1)	2 (1)
Putative small ubiquitin-related modifier 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=SUMO4 PE=1 SV=1	Q9FKC5	22	13458	2 (1)	2 (1)
Putative terpenoid synthase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=TPS07 PE=3 SV=2	O65434	23	70091	8 (1)	6 (1)
Putative U-box domain-containing protein 42 OS=Arabidopsis thaliana GN=PUB42 PE=2 SV=1	Q9CAA7	27	115686	4 (1)	4 (1)
Putative U-box domain-containing protein 55 OS=Arabidopsis thaliana GN=PUB55 PE=3 SV=1	P0C6E7	24	66678	4 (1)	4 (1)
Putative vesicle-associated membrane protein 726 OS=Arabidopsis thaliana GN=VAMP726 PE=2 SV=2	Q9MAS5	30	25199	2 (1)	2 (1)
Putative wall-associated receptor kinase-like 16 OS=Arabidopsis thaliana GN=WAKL16 PE=3 SV=1	Q9LSV3	28	49328	4 (1)	3 (1)
Putative zinc finger CCCH domain-containing protein 64 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os12g0129500 PE=3 SV=2	A3CEM4	23	60985	2 (1)	1 (1)
Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PFP-ALPHA2 PE=2 SV=1	Q9C9K3	28	68314	2 (1)	2 (1)
Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha OS=Solanum tuberosum GN=PFP-ALPHA PE=1 SV=2	P21342	31	68115	2 (1)	2 (1)
Pyruvate decarboxylase 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PDC3 PE=2 SV=1	Q0D3D2	43	63629	4 (1)	3 (1)
Pyruvate kinase, cytosolic isozyme OS=Glycine max PE=2 SV=1	Q42806	34	55951	7 (1)	7 (1)
Pyruvate, phosphate dikinase, chloroplastic OS=Flaveria pringlei GN=PPDK PE=1 SV=1	Q42736	23	105285	5 (1)	5 (1)
Quinone oxidoreductase-like protein At1g23740, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g23740 PE=2 SV=2	Q9ZUC1	36	41132	2 (1)	2 (1)
QWRF motif-containing protein 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=QWRF9 PE=3 SV=2	F4K4M0	31	56504	5 (1)	5 (1)
Ras-related protein Rab-2-A OS=Zea mays GN=RAB2A PE=2 SV=1	P49103	31	23215	1 (1)	1 (1)
Ras-related protein Rab5 OS=Nicotiana tabacum GN=RAB5 PE=2 SV=1	P29687	21	22050	2 (1)	2 (1)
Ras-related protein Rab7 OS=Vigna aconitifolia PE=2 SV=1	Q41640	22	23426	2 (1)	2 (1)
Regulatory protein NPR3 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPR3 PE=1 SV=1	Q8L746	26	66760	3 (1)	3 (1)
Regulatory-associated protein of TOR 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RAPTOR1 PE=2 SV=2	Q0IQN5	22	151310	3 (1)	3 (1)
Regulatory-associated protein of TOR 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RAPTOR2 PE=2 SV=2	Q9LZW9	22	149371	9 (1)	3 (1)

Replication protein A 70 kDa DNA-binding subunit C OS=Arabidopsis thaliana GN=RPA1C PE=3 SV=1	Q9FHJ6	21	95361	2 (1)	2 (1)
Retinoblastoma-related protein 1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=RBR1 PE=3 SV=1	A2YXJ7	22	112693	11 (1)	10 (1)
Retinoblastoma-related protein 2 OS=Zea mays GN=RBR2 PE=2 SV=1	Q8H0J6	38	97953	1 (1)	1 (1)
Retinoblastoma-related protein OS=Camellia sinensis GN=pRB PE=2 SV=1	Q2ABE5	28	114412	6 (1)	3 (1)
Ribonuclease II, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=RNR1 PE=2 SV=1	Q6NQJ6	26	91135	2 (1)	2 (1)
Ribonuclease S-2 OS=Nicotiana glauca GN=S-2 PE=1 SV=1	P04007	32	25429	3 (1)	1 (1)
Ribonuclease S-3 OS=Petunia hybrida GN=S3 PE=3 SV=1	Q40875	24	26709	1 (1)	1 (1)
Ribosomal protein S3, mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RPS3 PE=3 SV=1	P46773	38	61961	5 (1)	5 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase large chain (Fragment) OS=Iris germanica GN=rbcL PE=3 SV=2	Q37227	681	49559	27 (22)	11 (10)
Ribulose biphosphate carboxylase large chain OS=Liriodendron tulipifera GN=rbcL PE=3 SV=1	P30827	897	53188	76 (36)	18 (14)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain 1, chloroplastic OS=Glycine max GN=RBCS-1 PE=3 SV=1	P00865	39	20288	5 (2)	4 (2)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain 3B, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=RBCS-3B PE=2 SV=2	P10798	24	20556	5 (1)	4 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain 3C, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=RBCS-3C PE=2 SV=1	P00869	74	20402	11 (3)	8 (3)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain, chloroplastic OS=Glycine tabacina GN=RBCS PE=3 SV=1	Q42823	59	20233	21 (3)	5 (2)
Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase 1, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum PE=1 SV=1	Q40460	545	48951	19 (12)	8 (6)
Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase 2, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum GN=RCA PE=2 SV=1	Q40565	950	48541	24 (18)	8 (5)
Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase, chloroplastic OS=Cucumis sativus PE=2 SV=1	Q01587	674	45909	22 (15)	9 (5)
RING-H2 finger protein ATL81 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATL81 PE=2 SV=1	Q9LQM2	23	38936	2 (1)	1 (1)
R-linalool synthase, chloroplastic OS=Ocimum basilicum GN=LIS PE=1 SV=1	Q5SBP3	28	66180	2 (1)	2 (1)
RNA polymerase II C-terminal domain phosphatase-like 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=CPL3 PE=1 SV=2	Q8LL04	23	136737	9 (1)	8 (1)
RNA polymerase II transcriptional coactivator KELP OS=Arabidopsis thaliana GN=KELP PE=1 SV=1	O65155	22	19279	1 (1)	1 (1)
RNA pseudouridine synthase 6, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g21770 PE=2 SV=1	Q9SVS0	25	53702	3 (1)	3 (1)
RNA-binding protein 1 OS=Medicago truncatula GN=RBP1 PE=2 SV=1	Q8H0P8	22	28308	4 (1)	2 (1)
Rubber elongation factor protein OS=Hevea brasiliensis PE=1 SV=2	P15252	83	14713	5 (2)	4 (1)
RuBisCO large subunit-binding protein subunit alpha, chloroplastic (Fragment) OS=Brassica napus PE=2 SV=2	P21239	215	57714	9 (5)	7 (3)
RuBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic OS=Brassica napus PE=2 SV=1	P21241	125	62776	7 (2)	6 (2)
S-(+)-linalool synthase, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=LIS PE=2 SV=1	Q6ZH94	24	67850	3 (1)	3 (1)

S-adenosylmethionine decarboxylase proenzyme 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=SAMDC4 PE=1 SV=1	Q3E9D5	22	39528	1 (1)	1 (1)
Sec-independent protein translocase protein TATC, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=TATC PE=1 SV=1	Q94G17	27	39059	1 (1)	1 (1)
Sedoheptulose-1,7-bisphosphatase, chloroplastic OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	P46285	151	42547	6 (4)	4 (2)
Seed allergenic protein RAG2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RAG2 PE=1 SV=2	Q01882	23	18423	2 (1)	2 (1)
Seed linoleate 9S-lipoxygenase-2 OS=Glycine max GN=LOX1.2 PE=2 SV=1	P09439	61	97370	4 (1)	4 (1)
Serine hydroxymethyltransferase 2, mitochondrial OS=Flaveria pringlei PE=2 SV=1	P49358	121	57068	7 (3)	6 (2)
Serine hydroxymethyltransferase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=SHM4 PE=1 SV=1	O23254	57	52141	4 (1)	3 (1)
Serine hydroxymethyltransferase 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=SHM5 PE=3 SV=1	Q9SVM4	50	52798	1 (1)	1 (1)
Serine hydroxymethyltransferase, mitochondrial OS=Pisum sativum PE=1 SV=1	P34899	140	57371	7 (5)	5 (4)
Serine/threonine-protein kinase Aurora-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=AUR1 PE=1 SV=1	Q9M077	29	34179	4 (1)	3 (1)
Serine/threonine-protein kinase Nek4 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=NEK4 PE=2 SV=1	Q60DG4	23	104511	3 (1)	3 (1)
Serine/threonine-protein kinase Nek5 OS=Arabidopsis thaliana GN=NEK5 PE=1 SV=1	Q0WPH8	26	107178	6 (1)	6 (1)
Serine/threonine-protein kinase OX11 OS=Arabidopsis thaliana GN=OX11 PE=1 SV=1	Q9LSF1	28	47644	2 (1)	2 (1)
Serine--glyoxylate aminotransferase (Fragments) OS=Zea mays PE=1 SV=1	P84187	24	15087	1 (1)	1 (1)
Serpin-Z1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g64030 PE=2 SV=2	Q9SH52	23	43188	5 (1)	3 (1)
S-formylglutathione hydrolase OS=Arabidopsis thaliana GN=SFGH PE=1 SV=2	Q8LAS8	24	31921	4 (1)	3 (1)
Shugoshin-1 OS=Zea mays GN=SGO1 PE=2 SV=1	Q4QSC8	24	52525	2 (1)	2 (1)
Sialyltransferase-like protein 1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=STLP1 PE=3 SV=1	A2WX64	22	43998	2 (1)	2 (1)
Signal peptide peptidase-like 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SPPL3 PE=2 SV=1	Q5N808	22	56790	2 (1)	2 (1)
Signal recognition particle 54 kDa protein 1 OS=Solanum lycopersicum PE=3 SV=1	P49971	38	55075	5 (1)	5 (1)
Small heat shock protein, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=HSP21 PE=2 SV=1	P09886	53	26390	3 (1)	3 (1)
Small ribosomal subunit protein S13, mitochondrial OS=Glycine max GN=RSP13 PE=3 SV=1	Q8LPW2	21	16824	2 (1)	2 (1)
Small ubiquitin-related modifier 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=SUMO1 PE=1 SV=2	P55852	32	11026	2 (1)	2 (1)
SNARE-interacting protein KEULE OS=Arabidopsis thaliana GN=KEU PE=1 SV=2	Q9C5X3	23	75435	5 (1)	5 (1)
Sodium/hydrogen exchanger 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=NHX7 PE=1 SV=1	Q9LKW9	26	127678	4 (1)	4 (1)
Soluble starch synthase 2-2, chloroplastic/amyloplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SSII-2 PE=2 SV=2	Q6Z2T8	21	76032	4 (1)	4 (1)
Soluble starch synthase 2-3, chloroplastic/amyloplastic OS=Oryza sativa subsp. indica GN=SSII-3 PE=1 SV=1	P0C586	29	88671	3 (1)	2 (1)

Soluble starch synthase 3, chloroplastic/amyloplastic OS= <i>Solanum tuberosum</i> GN=SS3 PE=1 SV=1	Q43846	22	139879	6 (1)	6 (1)
Spermidine synthase 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=SPDSYN1 PE=2 SV=1	Q9SMB1	22	35523	1 (1)	1 (1)
SPX domain-containing membrane protein Os04g0573000 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os04g0573000 PE=2 SV=2	Q0JAW2	30	77937	2 (1)	2 (1)
SPX domain-containing protein 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SPX2 PE=2 SV=1	O48781	27	33025	1 (1)	1 (1)
Squalene methyltransferase 1 OS= <i>Botryococcus braunii</i> GN=TMT-1 PE=1 SV=1	H2E7T5	24	42100	2 (1)	2 (1)
Stearoyl-[acyl-carrier-protein] 9-desaturase 6, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=S-ACP-DES6 PE=2 SV=2	Q84VY3	23	44356	7 (1)	6 (1)
Sterol 3-beta-glucosyltransferase UGT80A2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UGT80A2 PE=1 SV=1	Q9M8Z7	23	69633	2 (1)	2 (1)
Stomatal closure-related actin-binding protein 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SCAB1 PE=1 SV=1	O48791	31	55840	4 (1)	4 (1)
Stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic OS= <i>Pisum sativum</i> GN=HSP70 PE=2 SV=1	Q02028	66	75583	7 (2)	7 (2)
Subtilisin-like protease SBT3.15 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SBT3.15 PE=2 SV=2	F4JL8	26	81827	3 (1)	3 (1)
Subtilisin-like protease SBT4.13 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SBT4.13 PE=2 SV=1	Q9FIG2	24	77505	3 (1)	3 (1)
Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit 2, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SDH1-2 PE=1 SV=1	Q9ZPX5	55	70003	3 (1)	3 (1)
Succinyl-CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At2g20420 PE=1 SV=1	O82662	23	45602	14 (1)	4 (1)
Sucrose synthase OS= <i>Medicago sativa</i> PE=2 SV=1	O65026	29	92674	5 (1)	4 (1)
Sucrose transport protein SUC2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SUC2 PE=1 SV=2	Q39231	24	54968	1 (1)	1 (1)
Sucrose-phosphatase 1 OS= <i>Nicotiana tabacum</i> GN=SPP1 PE=2 SV=1	Q5IH14	27	48361	5 (1)	5 (1)
Sucrose-phosphatase 2 OS= <i>Nicotiana tabacum</i> GN=SPP2 PE=2 SV=1	Q5IH13	36	48210	3 (2)	3 (2)
Sugar transport protein 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=STP2 PE=1 SV=3	Q9LNV3	24	55500	2 (1)	2 (1)
Sugar transporter ERD6-like 5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g54730 PE=2 SV=2	Q3ECP7	22	51049	1 (1)	1 (1)
Sulfate/thiosulfate import ATP-binding protein CysA OS= <i>Mesostigma viride</i> GN=cysA PE=3 SV=1	Q9MUN1	22	39493	1 (1)	1 (1)
Superoxide dismutase [Cu-Zn] 1 OS= <i>Mesembryanthemum crystallinum</i> GN=SODCC.1 PE=2 SV=1	P93258	45	15278	1 (1)	1 (1)
Superoxide dismutase [Cu-Zn] 2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=SODCC2 PE=1 SV=2	P28757	26	15185	1 (1)	1 (1)
Superoxide dismutase [Cu-Zn] OS= <i>Ipomoea batatas</i> GN=SODCC PE=2 SV=2	Q07796	53	15186	2 (1)	2 (1)
Superoxide dismutase [Fe], chloroplastic (Fragment) OS= <i>Nicotiana plumbaginifolia</i> GN=SODB PE=2 SV=1	P22302	96	23028	2 (2)	1 (1)
Surfeit locus protein 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SURF1 PE=2 SV=1	Q9SE51	21	40011	3 (1)	2 (1)
SURP and G-patch domain-containing protein 1-like protein OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g52120 PE=2 SV=1	Q94C11	24	48777	5 (1)	4 (1)
Syntaxin-73 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SYP73 PE=2 SV=1	Q94KK5	29	29971	3 (1)	3 (1)

TATA box-binding protein-associated factor RNA polymerase I subunit B OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os05g0352700 PE=3 SV=2	Q5W770	24	71521	6 (1)	6 (1)
Tbc2 translation factor, chloroplastic OS= <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> GN=TBC2 PE=1 SV=1	Q8VXP3	32	115380	2 (1)	2 (1)
T-complex protein 1 subunit gamma OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CCT3 PE=1 SV=1	Q84WV1	22	60872	2 (1)	2 (1)
T-complex protein 1 subunit zeta 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CCT6B PE=1 SV=1	Q8L7N0	28	59347	2 (1)	1 (1)
Telomerase reverse transcriptase OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=TERT PE=2 SV=2	Q8LKW0	22	146935	1 (1)	1 (1)
Terpenoid synthase 25 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TPS25 PE=2 SV=2	Q9LIA1	32	70693	1 (1)	1 (1)
Thaumatococin-like protein OS= <i>Actinidia deliciosa</i> GN=tlp PE=1 SV=2	P81370	53	25175	1 (1)	1 (1)
Thiamine thiazole synthase, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=THI1 PE=1 SV=1	Q38814	36	36755	5 (1)	3 (1)
Thiol protease aleurain-like OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g45310 PE=2 SV=1	Q8RWQ9	72	40030	2 (1)	2 (1)
Thioredoxin F-type, chloroplastic OS= <i>Mesembryanthemum crystallinum</i> PE=2 SV=1	O81332	23	20970	1 (1)	1 (1)
Thioredoxin H-type OS= <i>Brassica campestris</i> GN=PEC-2 PE=2 SV=1	O64432	26	13749	1 (1)	1 (1)
Thioredoxin-like protein CITRX, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=OsI_29059 PE=3 SV=1	A2YUQ6	25	20727	4 (1)	2 (1)
Thylakoid lumenal 29 kDa protein, chloroplastic OS= <i>Solanum lycopersicum</i> GN=CLEB3J9 PE=3 SV=1	Q9THX6	49	37898	5 (1)	4 (1)
TITAN-like protein OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TTL PE=2 SV=1	F4JRR5	26	48117	3 (1)	3 (1)
TPR repeat-containing thioredoxin TTL2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TTL2 PE=2 SV=2	F4IXE4	25	80502	4 (1)	4 (1)
Transcription factor bHLH147 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BHLH147 PE=1 SV=1	Q9LSN7	28	25353	1 (1)	1 (1)
Transcription factor bHLH27 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BHLH27 PE=2 SV=1	Q700E3	21	30603	1 (1)	1 (1)
Transcription factor bHLH36 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BHLH36 PE=2 SV=1	Q9FLI1	31	20144	2 (1)	2 (1)
Transcription factor bHLH81 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BHLH81 PE=2 SV=1	Q9M0R0	24	28844	1 (1)	1 (1)
Transcription factor MYC4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MYC4 PE=1 SV=1	O49687	21	65005	1 (1)	1 (1)
Transcription factor PAR1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PAR1 PE=1 SV=1	Q9SJH0	27	13257	4 (1)	2 (1)
Transcription initiation factor TFIID subunit 4b OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TAF4B PE=1 SV=1	F4K4L7	27	93853	6 (1)	6 (1)
Transcription repressor OFP12 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=OFP12 PE=1 SV=1	F4I8R6	24	25123	1 (1)	1 (1)
Transcription repressor OFP7 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=OFP7 PE=2 SV=1	Q9ZU65	23	35806	3 (1)	2 (1)
Transketolase, chloroplastic OS= <i>Spinacia oleracea</i> PE=1 SV=1	O20250	161	80744	7 (3)	5 (2)
Transketolase-1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TKL-1 PE=1 SV=1	Q8RWV0	88	80374	5 (3)	4 (3)
Transketolase-2, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TKL-2 PE=1 SV=1	F4IW47	57	80385	3 (2)	3 (2)

Translation initiation factor IF-1, chloroplastic OS=Antirrhinum majus GN=infA PE=3 SV=1	P69041	22	9116	1 (1)	1 (1)
Translationally-controlled tumor protein homolog OS=Elaeis guineensis var. tenera GN=TCTP PE=2 SV=1	Q5J907	45	19210	2 (1)	2 (1)
Transmembrane ascorbate ferrereductase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYB561A PE=1 SV=1	Q8L856	30	25905	1 (1)	1 (1)
Transport inhibitor response 1-like protein Os05g0150500 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os05g0150500 PE=2 SV=2	Q0DKP3	22	65774	2 (1)	2 (1)
Transposable element activator uncharacterized 23 kDa protein OS=Zea mays PE=4 SV=1	P03936	22	23507	4 (1)	3 (1)
Trans-splicing factor Raa3, chloroplastic OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=RAA3 PE=1 SV=1	Q9FEC4	25	181317	8 (1)	8 (1)
Trihelix transcription factor ASR3 OS=Arabidopsis thaliana GN=ASR3 PE=1 SV=1	Q8VZ20	28	35011	1 (1)	1 (1)
Triosephosphate isomerase, cytosolic OS=Petunia hybrida GN=TPIP1 PE=2 SV=1	P48495	82	27343	3 (2)	3 (2)
Tropinone reductase homolog At2g29370 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g29370 PE=3 SV=1	Q9ZW20	22	29102	1 (1)	1 (1)
Trypsin inhibitor OS=Veronica hederifolia PE=1 SV=1	P85981	25	4275	2 (1)	2 (1)
TSK-associating protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=TSA1 PE=1 SV=1	F4ICX9	34	84553	4 (1)	4 (1)
Tubulin alpha-4 chain OS=Arabidopsis thaliana GN=TUBA4 PE=2 SV=2	Q0WV25	71	50194	2 (2)	2 (2)
Tubulin beta-2 chain (Fragment) OS=Anemia phyllitidis GN=TUBB2 PE=2 SV=1	P33631	52	46814	11 (1)	11 (1)
Tubulin beta-5 chain OS=Gossypium hirsutum PE=2 SV=1	Q6VAF7	180	50608	10 (3)	8 (2)
Tubulin beta-7 chain OS=Arabidopsis thaliana GN=TUBB7 PE=2 SV=1	P29515	80	51341	4 (2)	4 (2)
Two pore calcium channel protein 1B OS=Nicotiana tabacum GN=TPC1B PE=2 SV=1	Q75VR0	25	85776	1 (1)	1 (1)
Two-component response regulator-like APRR7 OS=Arabidopsis thaliana GN=APRR7 PE=1 SV=1	Q93WK5	24	80298	2 (1)	2 (1)
Two-component response regulator-like PRR37 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=PRR37 PE=2 SV=2	A2YQ93	26	80592	3 (1)	2 (1)
Tyrosine--tRNA ligase 1, cytoplasmic OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g33840 PE=2 SV=1	Q8S9J2	30	44439	6 (1)	6 (1)
U2 small nuclear ribonucleoprotein A' OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g09760 PE=2 SV=2	P43333	25	28024	3 (1)	2 (1)
Ubiquinol oxidase, mitochondrial OS=Mangifera indica GN=AOMI 1 PE=1 SV=2	Q40294	30	36731	4 (1)	4 (1)
Ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase 24 OS=Arabidopsis thaliana GN=UBP24 PE=1 SV=1	Q9FPS3	24	60574	1 (1)	1 (1)
Ubiquitin-40S ribosomal protein S27a (Fragment) OS=Daucus carota PE=2 SV=2	P59272	42	16517	2 (1)	2 (1)
Ubiquitin-NEDD8-like protein RUB1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RUB1 PE=2 SV=2	P0C030	68	17119	3 (2)	3 (2)
U-box domain-containing protein 12 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PUB12 PE=2 SV=1	Q5VRH9	29	66826	3 (1)	3 (1)
U-box domain-containing protein 26 OS=Arabidopsis thaliana GN=PUB26 PE=2 SV=1	Q9FXA4	45	46561	1 (1)	1 (1)
U-box domain-containing protein 73 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PUB73 PE=2 SV=1	Q6K762	23	64754	4 (1)	3 (1)



UDP-D-apiose/UDP-D-xylose synthase OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os01g0969100 PE=2 SV=1	Q8S9Z2	22	44818	2 (1)	2 (1)
UDP-galactose/UDP-glucose transporter 5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UTR5 PE=2 SV=1	Q6NM25	25	39348	1 (1)	1 (1)
UDP-glucuronic acid decarboxylase 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UXS2 PE=1 SV=1	Q9LZ12	26	50111	2 (1)	2 (1)
UDP-glycosyltransferase 71D2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UGT71D2 PE=2 SV=1	O82385	27	52498	2 (1)	2 (1)
UDP-glycosyltransferase 72C1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UGT72C1 PE=2 SV=3	O23205	23	50895	3 (1)	3 (1)
UDP-glycosyltransferase 82A1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UGT82A1 PE=2 SV=1	Q9LHJ2	24	52569	2 (1)	2 (1)
UDP-glycosyltransferase 88F5 OS= <i>Malus domestica</i> GN=UGT88F5 PE=2 SV=1	D3UAG6	25	53627	3 (1)	3 (1)
UDP-N-acetylglucosamine diphosphorylase 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GLCNAC1PUT2 PE=1 SV=1	O64765	27	56409	2 (1)	2 (1)
UMP-CMP kinase 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UMK3 PE=1 SV=1	O04905	23	22582	4 (1)	3 (1)
UPF0496 protein 3 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os03g0148000 PE=2 SV=1	Q10RR9	29	41779	2 (1)	2 (1)
UPF0496 protein At3g28270 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g28270 PE=2 SV=1	Q9LHD9	29	41758	5 (1)	5 (1)
Uridine 5'-monophosphate synthase OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=UMPS2 PE=2 SV=1	Q8RZA1	26	51003	1 (1)	1 (1)
Uridine kinase-like protein 5 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UKL5 PE=2 SV=1	Q9LTY6	32	52662	3 (2)	2 (1)
UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase OS= <i>Astragalus penduliflorus</i> GN=UGP PE=2 SV=1	Q9LKG7	67	51632	2 (1)	2 (1)
Vacuolar protein sorting-associated protein 2 homolog 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=VPS2.1 PE=1 SV=2	Q9SK12	24	25276	8 (1)	5 (1)
Vacuolar protein sorting-associated protein 2 homolog 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=VPS2.2 PE=1 SV=2	Q0WTY4	27	24290	4 (1)	3 (1)
Vicilin-like antimicrobial peptides 2-3 (Fragment) OS= <i>Macadamia integrifolia</i> GN=AMP2-3 PE=1 SV=1	Q9SPL3	26	74624	3 (1)	3 (1)
Villin-4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=VLN4 PE=1 SV=1	O65570	21	109829	4 (1)	3 (1)
V-type proton ATPase catalytic subunit A (Fragment) OS= <i>Hordeum vulgare</i> PE=2 SV=1	Q40002	213	64400	6 (4)	5 (4)
V-type proton ATPase catalytic subunit A isoform 2 (Fragment) OS= <i>Equisetum arvense</i> PE=3 SV=1	Q04238	23	3370	2 (1)	1 (1)
V-type proton ATPase catalytic subunit A OS= <i>Citrus unshiu</i> PE=2 SV=1	Q9SM09	234	68923	6 (5)	6 (5)
V-type proton ATPase subunit B 1 OS= <i>Gossypium hirsutum</i> PE=2 SV=1	Q43432	26	54286	4 (2)	4 (2)
V-type proton ATPase subunit B 2 OS= <i>Hordeum vulgare</i> PE=2 SV=1	Q40079	117	53806	6 (4)	6 (4)
V-type proton ATPase subunit B3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=VHA-B3 PE=2 SV=1	Q8W4E2	26	54392	8 (1)	7 (1)
Wall-associated receptor kinase-like 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=WAKL1 PE=2 SV=1	Q9S9M5	24	82584	6 (1)	6 (1)
WAT1-related protein At1g44800 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g44800 PE=1 SV=1	Q9LPF1	25	40092	3 (1)	3 (1)
WEB family protein At1g75720 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g75720 PE=2 SV=1	F4I0N3	25	22525	2 (1)	2 (1)



WEB family protein At3g56270 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g56270 PE=2 SV=1	Q9LYL6	29	51720	7 (1)	5 (1)
WUSCHEL-related homeobox 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=WOX9 PE=2 SV=1	Q6X7J4	23	42234	2 (1)	1 (1)
Xyloglucan galactosyltransferase KATAMAR11 OS=Arabidopsis thaliana GN=KAM1 PE=1 SV=1	Q7XJ98	28	71269	2 (1)	2 (1)
Zinc finger CCCH domain-containing protein 22 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g24830 PE=2 SV=1	Q9SK49	29	56242	4 (1)	4 (1)
Zinc finger CCCH domain-containing protein 30 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g41900 PE=1 SV=2	P93755	22	78912	1 (1)	1 (1)
Zinc finger CCCH domain-containing protein 46 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os06g0704300 PE=2 SV=1	Q5Z807	26	43036	1 (1)	1 (1)
Zinc finger CCCH domain-containing protein 52 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g06770 PE=2 SV=1	Q9FG30	21	25751	2 (1)	1 (1)
Zinc finger protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ZFP1 PE=2 SV=1	Q42485	22	25566	4 (1)	4 (1)
Zinc-finger homeodomain protein 13 OS=Arabidopsis thaliana GN=ZHD13 PE=1 SV=1	Q9FMY7	23	28520	1 (1)	1 (1)

## Anexo 6. Proteínas identificadas nos geis SDS-PAGE de galhos de *Duroia macrophylla*

Proteína	Código	Score	Massa	Matches	Sequências
1,4-alpha-glucan-branching enzyme 2, chloroplastic/amyloplastic OS= <i>Zea mays</i> GN=SBE1 PE=1 SV=1	Q08047	23	90916	6 (1)	6 (1)
1,4-alpha-glucan-branching enzyme 2-1, chloroplastic/amyloplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SBE2.1 PE=2 SV=1	O23647	26	97940	4 (1)	4 (1)
1,8-cineole synthase 1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TPS27 PE=1 SV=1	P0DI76	32	71208	3 (1)	3 (1)
10 kDa chaperonin OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPN10 PE=3 SV=1	P34893	39	10806	1 (1)	1 (1)
14-3-3-like protein GF14 kappa OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GRF8 PE=1 SV=2	P48348	27	28125	3 (2)	3 (2)
14-3-3-like protein GF14 mu OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GRF9 PE=1 SV=2	Q96299	32	29616	1 (1)	1 (1)
14-3-3-like protein GF14 phi OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=GRF4 PE=1 SV=2	P46077	77	30289	4 (2)	4 (2)
17.3 kDa class II heat shock protein OS= <i>Solanum peruvianum</i> PE=2 SV=1	O82013	41	17311	3 (1)	3 (1)
17.5 kDa class I heat shock protein OS= <i>Glycine max</i> GN=HSP17.5-M PE=3 SV=1	P04793	42	17535	3 (2)	3 (2)
17.6 kDa class I heat shock protein 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=HSP17.6C PE=2 SV=2	P13853	30	17593	2 (1)	2 (1)
17.6 kDa class I heat shock protein OS= <i>Helianthus annuus</i> GN=HSP17.6 PE=2 SV=1	P30693	53	17608	2 (2)	1 (1)
18.1 kDa class I heat shock protein (Fragment) OS= <i>Medicago sativa</i> GN=HSP18.1 PE=2 SV=1	P27879	60	16457	5 (2)	3 (2)
1-deoxy-D-xylulose 5-phosphate reductoisomerase, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=DXR PE=2 SV=2	Q9XFS9	22	52273	5 (1)	3 (1)
2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase OS= <i>Mesembryanthemum crystallinum</i> GN=PGM1 PE=2 SV=1	Q42908	24	61316	3 (1)	3 (1)
24-methylenesterol C-methyltransferase 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SMT2 PE=1 SV=2	Q39227	23	40767	2 (1)	2 (1)
26.5 kDa heat shock protein, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=HSP26.5 PE=2 SV=1	Q9SSQ8	22	26642	2 (1)	2 (1)
26S protease regulatory subunit 10B homolog A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPT4A PE=1 SV=1	Q9SEI3	28	44960	4 (1)	3 (1)
26S protease regulatory subunit 6A homolog OS= <i>Solanum lycopersicum</i> GN=TBP1 PE=2 SV=1	P54776	24	47704	4 (1)	4 (1)
26S protease regulatory subunit 7 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=RPT1A PE=2 SV=1	Q9FXT9	94	48165	6 (2)	5 (1)
26S protease regulatory subunit 8 homolog A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPT6A PE=1 SV=1	Q9C5U3	38	47389	7 (1)	7 (1)
26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3 homolog B OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPN3B PE=1 SV=2	Q9LQR8	24	55899	2 (1)	2 (1)
2-isopropylmalate synthase 1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=IPMS1 PE=1 SV=2	Q9LPR4	35	69146	5 (1)	5 (1)
2-methylene-furan-3-one reductase OS= <i>Fragaria ananassa</i> GN=EO PE=1 SV=2	Q94110	50	34275	5 (2)	4 (1)
2-methylene-furan-3-one reductase OS= <i>Solanum lycopersicum</i> GN=EO PE=1 SV=1	K4BW79	23	40976	1 (1)	1 (1)

30S ribosomal protein S1, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=RPS1 PE=1 SV=1	P29344	23	45044	1 (1)	1 (1)
30S ribosomal protein S11, chloroplastic OS=Oryza sativa GN=rps11 PE=3 SV=1	P0C462	33	15786	3 (1)	3 (1)
30S ribosomal protein S14, chloroplastic OS=Angiopteris evecta GN=rps14 PE=3 SV=1	A2T331	23	11878	1 (1)	1 (1)
30S ribosomal protein S2, chloroplastic OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=rps2-1 PE=1 SV=1	O47027	26	63234	2 (1)	2 (1)
30S ribosomal protein S3, chloroplastic OS=Oenothera elata subsp. hookeri GN=rps3 PE=3 SV=2	Q9MTI7	36	25271	2 (1)	2 (1)
30S ribosomal protein S4, chloroplastic OS=Stigeoclonium helveticum GN=rps4 PE=3 SV=1	Q06SJ3	30	340918	11 (1)	10 (1)
30S ribosomal protein S8, chloroplastic OS=Marchantia polymorpha GN=rps8 PE=3 SV=1	P06362	22	14969	5 (1)	1 (1)
30S ribosomal protein S9, chloroplastic OS=Mesostigma viride GN=rps9 PE=3 SV=1	Q9MUV1	32	15106	3 (1)	2 (1)
3-isopropylmalate dehydratase large subunit OS=Arabidopsis thaliana GN=ILL1 PE=1 SV=1	Q94AR8	33	55834	4 (1)	4 (1)
3-ketoacyl-CoA synthase 18 OS=Arabidopsis thaliana GN=FAE1 PE=1 SV=1	Q38860	30	56799	3 (1)	3 (1)
3-ketoacyl-CoA thiolase 5, peroxisomal OS=Arabidopsis thaliana GN=KAT5 PE=2 SV=2	Q570C8	29	48439	3 (1)	3 (1)
3-oxoacyl-[acyl-carrier-protein] synthase II, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=KAS2 PE=1 SV=1	Q9C9P4	22	58418	3 (1)	3 (1)
40S ribosomal protein S12-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS12A PE=2 SV=1	Q9S9P1	26	15709	2 (1)	2 (1)
40S ribosomal protein S14 OS=Tortula ruralis GN=RPS14 PE=2 SV=1	Q9XEK6	27	14465	1 (1)	1 (1)
40S ribosomal protein S18 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=RPS18 PE=2 SV=1	P49202	38	17540	4 (1)	4 (1)
40S ribosomal protein S20 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RPS20 PE=2 SV=2	P35686	63	14151	2 (1)	2 (1)
40S ribosomal protein S20-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS20A PE=2 SV=2	P49200	35	13984	2 (1)	2 (1)
40S ribosomal protein S20-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPS20B PE=2 SV=1	Q9STY6	52	13799	2 (1)	2 (1)
40S ribosomal protein S21 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RPS21 PE=3 SV=1	P35687	62	9305	1 (1)	1 (1)
40S ribosomal protein S23 OS=Euphorbia esula GN=RPS23 PE=2 SV=1	Q9M5Z9	31	15779	4 (1)	3 (1)
40S ribosomal protein S8 OS=Zea mays GN=RPS8 PE=2 SV=2	Q08069	38	25155	3 (1)	3 (1)
4-hydroxyphenylpyruvate dioxygenase OS=Arabidopsis thaliana GN=HPD PE=1 SV=2	P93836	23	49070	1 (1)	1 (1)
4-substituted benzoates-glutamate ligase GH3.12 OS=Arabidopsis thaliana GN=GH3.12 PE=1 SV=1	Q9LYU4	24	65885	3 (1)	2 (1)
50S ribosomal protein L12, chloroplastic OS=Chara vulgaris GN=rpl12 PE=3 SV=2	Q1ACG9	21	15127	2 (1)	2 (1)
50S ribosomal protein L14, chloroplastic OS=Chaetosphaeridium globosum GN=rpl14 PE=3 SV=1	Q8M9V2	30	13579	2 (1)	2 (1)
50S ribosomal protein L16, chloroplastic OS=Jasminum nudiflorum GN=rpl16 PE=3 SV=1	Q06R94	22	15296	2 (1)	1 (1)
50S ribosomal protein L2, chloroplastic OS=Chara vulgaris GN=rpl2 PE=3 SV=1	Q1ACF6	21	31136	2 (1)	2 (1)

50S ribosomal protein L21, chloroplastic OS=Staurastrum punctulatum GN=rpl21 PE=3 SV=1	Q32S07	24	13537	1 (1)	1 (1)
50S ribosomal protein L22, chloroplastic OS=Cycas taitungensis GN=rpl22 PE=3 SV=1	A6H5M1	31	16026	3 (1)	3 (1)
50S ribosomal protein L23, chloroplastic OS=Coffea arabica GN=rpl23-A PE=3 SV=1	A0A378	24	10786	2 (1)	1 (1)
5'-adenylylsulfate reductase-like 4 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=APRL4 PE=2 SV=1	Q5DJV7	22	29554	1 (1)	1 (1)
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=MS2 PE=1 SV=1	Q9SRV5	62	84873	5 (2)	5 (2)
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=MS3 PE=1 SV=1	Q0WNZ5	33	90993	6 (1)	6 (1)
5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase OS=Catharanthus roseus GN=METE PE=2 SV=1	Q42699	64	85089	4 (3)	4 (3)
5'-methylthioadenosine/S-adenosylhomocysteine nucleosidase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MTN1 PE=1 SV=1	Q9T0I8	25	28547	3 (2)	1 (1)
60S acidic ribosomal protein P0 OS=Lupinus luteus PE=2 SV=1	P50345	79	34603	3 (1)	2 (1)
60S acidic ribosomal protein P2-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPP2D PE=2 SV=1	Q9LXM8	33	11009	5 (1)	1 (1)
60S acidic ribosomal protein P2A OS=Zea mays GN=RPP2A PE=1 SV=3	P46252	61	11470	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L11-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL11B PE=2 SV=2	P42794	99	21019	6 (2)	5 (2)
60S ribosomal protein L12-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL12C PE=2 SV=1	Q9FF52	95	17946	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L17 OS=Zea mays GN=RPL17 PE=2 SV=1	O48557	48	19608	3 (2)	3 (2)
60S ribosomal protein L18-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL18C PE=2 SV=1	Q940B0	91	21011	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L18a OS=Castanea sativa GN=RPL18A PE=2 SV=1	Q9ATF5	26	21507	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L19 (Fragment) OS=Zea mays GN=RPL19 PE=2 SV=1	Q08066	29	7285	1 (1)	1 (1)
60S ribosomal protein L22-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL22B PE=2 SV=1	Q9M9W1	38	14066	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L23a OS=Nicotiana tabacum GN=RPL23A PE=2 SV=1	Q07761	28	17271	3 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L23a-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL23AA PE=2 SV=2	Q8LD46	37	17430	1 (1)	1 (1)
60S ribosomal protein L3-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ARP2 PE=2 SV=4	P22738	26	44974	4 (1)	3 (1)
60S ribosomal protein L32-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL32A PE=2 SV=2	P49211	34	15550	2 (1)	2 (1)
60S ribosomal protein L35a-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL35AC PE=3 SV=1	Q9C9I2	43	12965	1 (1)	1 (1)
60S ribosomal protein L4 OS=Prunus armeniaca GN=RPL4 PE=2 SV=1	Q9XF97	30	44898	5 (1)	3 (1)
60S ribosomal protein L4-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL4A PE=2 SV=1	Q9SF40	47	44788	3 (1)	3 (1)
65-kDa microtubule-associated protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MAP65-1 PE=1 SV=1	Q9FLP0	23	66086	5 (1)	4 (1)
65-kDa microtubule-associated protein 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=MAP65-4 PE=1 SV=2	Q9LZY0	28	77290	6 (1)	6 (1)

6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1 OS=Spinacia oleracea GN=pgdC PE=1 SV=1	Q94KU1	270	53496	7 (6)	5 (5)
6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 2, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=G6PGH2 PE=2 SV=1	Q2R480	29	54494	5 (1)	5 (1)
8-hydroxygeraniol dehydrogenase OS=Catharanthus roseus GN=10HGO PE=1 SV=1	Q6V4H0	53	39368	6 (2)	6 (2)
9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase 1, chloroplastic OS=Zea mays GN=VP14 PE=1 SV=2	Q24592	42	65967	15 (3)	2 (1)
9-cis-epoxycarotenoid dioxygenase, chloroplastic OS=Oncidium hybrid cultivar GN=NCED PE=2 SV=1	C3VEQ3	31	68295	1 (1)	1 (1)
ABC transporter C family member 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCC4 PE=2 SV=2	Q7DM58	24	170056	2 (1)	2 (1)
ABC transporter G family member 14 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCG14 PE=2 SV=1	Q9C6W5	22	73142	1 (1)	1 (1)
ABC transporter G family member 32 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCG32 PE=1 SV=1	O81016	26	161902	5 (1)	4 (1)
ABC transporter G family member 33 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCG33 PE=2 SV=1	Q9ZUT8	25	161232	5 (1)	5 (1)
ABC transporter G family member 38 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ABCG38 PE=3 SV=1	Q7FMW4	30	170486	5 (1)	4 (1)
ABC transporter G family member 48 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ABCG48 PE=3 SV=1	Q8GU84	51	165500	8 (2)	7 (2)
ABC transporter G family member 52 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ABCG52 PE=2 SV=2	B9G300	26	158273	3 (1)	3 (1)
Abscisic acid receptor PYL2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PYL2 PE=1 SV=1	O80992	25	21383	1 (1)	1 (1)
Abscisic acid receptor PYL6 OS=Arabidopsis thaliana GN=PYL6 PE=1 SV=1	Q8S8E3	25	24056	2 (1)	1 (1)
Acetolactate synthase 2, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum GN=ALS SURB PE=1 SV=1	P09114	25	72601	3 (1)	3 (1)
Aconitate hydratase, cytoplasmic OS=Cucurbita maxima PE=2 SV=1	P49608	77	98570	9 (3)	7 (2)
ACT domain-containing protein ACR8 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACR8 PE=2 SV=1	Q9LNA5	24	50442	3 (1)	2 (1)
Actin OS=Mesostigma viride PE=3 SV=1	O65316	173	41791	20 (8)	15 (6)
Actin-1 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=ACT1 PE=2 SV=1	A2XLF2	189	42014	12 (8)	8 (6)
Actin-52 (Fragment) OS=Solanum lycopersicum PE=3 SV=1	Q96484	100	37206	10 (4)	7 (4)
Actin-66 (Fragment) OS=Solanum tuberosum PE=3 SV=1	P81228	53	37286	5 (2)	5 (2)
Actin-related protein 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=ARP8 PE=2 SV=1	Q9FKT0	21	53103	1 (1)	1 (1)
Acyl-CoA-binding domain-containing protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACBP3 PE=1 SV=1	Q9STX1	23	39414	1 (1)	1 (1)
Acyl-CoA-binding protein OS=Brassica napus PE=3 SV=1	Q39315	21	10165	1 (1)	1 (1)
Adenine DNA glycosylase OS=Arabidopsis thaliana GN=MYH PE=3 SV=1	F4JRF4	24	72810	7 (1)	5 (1)
Adenine phosphoribosyltransferase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=APT3 PE=1 SV=1	Q9SUW2	22	20567	2 (1)	2 (1)
Adenosylhomocysteinase OS=Medicago sativa GN=SAHH PE=2 SV=1	P50246	29	53744	5 (1)	4 (1)

Adenylate kinase 5, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g35170 PE=1 SV=1	Q8VYL1	25	66039	5 (1)	4 (1)
Adenylosuccinate synthetase 2, chloroplastic OS=Ricinus communis GN=PURA2 PE=3 SV=1	B9SL58	51	53841	5 (1)	5 (1)
Adenylyl-sulfate kinase 4, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=APK4 PE=1 SV=1	Q84JF0	69	34670	24 (10)	1 (1)
ADP,ATP carrier protein, mitochondrial (Fragment) OS=Solanum tuberosum GN=ANT1 PE=2 SV=1	P27081	96	41974	7 (5)	4 (2)
ADP,ATP carrier protein, mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os02g0718900 PE=2 SV=1	P31691	40	41655	4 (1)	4 (1)
ADP-ribosylation factor 1 OS=Solanum tuberosum PE=2 SV=2	P51824	40	22730	2 (1)	2 (1)
Alanine aminotransferase 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=ALAAT2 PE=2 SV=1	Q9LDV4	33	59986	3 (1)	3 (1)
Alcohol dehydrogenase 1 OS=Trifolium repens GN=ADH1 PE=2 SV=1	P13603	74	41887	5 (1)	5 (1)
Alcohol dehydrogenase class-3 OS=Pisum sativum PE=1 SV=1	P80572	42	41261	2 (1)	2 (1)
Aldehyde dehydrogenase family 2 member B4, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=ALDH2B4 PE=2 SV=1	Q9SU63	70	58951	4 (1)	4 (1)
Aldehyde dehydrogenase family 2 member B7, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=ALDH2B7 PE=2 SV=2	Q8S528	52	58458	4 (2)	3 (1)
Aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 OS=Brassica napus GN=BTG-26 PE=1 SV=3	Q41247	25	53224	4 (1)	4 (1)
Alpha-1,4 glucan phosphorylase L isozyme, chloroplastic/amyloplastic OS=Ipomoea batatas PE=2 SV=1	P27598	27	109079	4 (1)	3 (1)
Alpha-1,4 glucan phosphorylase L-1 isozyme, chloroplastic/amyloplastic OS=Solanum tuberosum PE=1 SV=2	P04045	60	110065	6 (1)	6 (1)
Alpha-1,4-glucan-protein synthase [UDP-forming] OS=Pisum sativum GN=UPTG PE=1 SV=1	O04300	66	42059	2 (1)	2 (1)
Alpha-amylase isozyme 3E OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=AMY1.4 PE=2 SV=1	P27934	25	49190	2 (1)	2 (1)
Alpha-copaene synthase OS=Helianthus annuus GN=CS PE=1 SV=2	Q4U3F6	24	64450	3 (1)	2 (1)
Alpha-galactosidase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGAL3 PE=1 SV=1	Q8VXZ7	73	48845	5 (2)	4 (1)
Alpha-glucan phosphorylase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PHS1 PE=2 SV=1	Q9LIB2	23	109087	2 (1)	2 (1)
Alpha-glucan phosphorylase 2, cytosolic OS=Arabidopsis thaliana GN=PHS2 PE=1 SV=1	Q9SD76	39	95499	3 (1)	2 (1)
Alpha-glucan phosphorylase, H isozyme OS=Solanum tuberosum PE=1 SV=1	P32811	45	95451	4 (1)	4 (1)
Alpha-L-arabinofuranosidase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ASD1 PE=1 SV=1	Q9SG80	24	75453	3 (1)	3 (1)
Alpha-L-fucosidase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=FUC1 PE=1 SV=2	Q8GW72	25	57493	1 (1)	1 (1)
Alpha-mannosidase OS=Canavalia ensiformis PE=1 SV=1	C0HJB3	34	111405	5 (2)	4 (1)
Aminomethyltransferase, mitochondrial OS=Pisum sativum GN=GDCST PE=1 SV=2	P49364	28	44656	1 (1)	1 (1)
Ammonium transporter 1 member 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=AMT1-3 PE=2 SV=2	Q9SQH9	27	53777	3 (1)	3 (1)
Anthocyanidin 3-O-glucoside 2'''-O-xylosyltransferase OS=Arabidopsis thaliana GN=A3G2XYLT PE=1 SV=1	Q9LVW3	22	52585	3 (1)	3 (1)

AP2-like ethylene-responsive transcription factor TOE2 OS=Arabidopsis thaliana GN=TOE2 PE=1 SV=1	Q9LVG2	22	53473	5 (1)	4 (1)
Arabinosyltransferase RRA2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RRA2 PE=2 SV=1	Q9C9Q5	21	48367	3 (1)	2 (1)
Arginine biosynthesis bifunctional protein ArgJ, chloroplastic OS=Ricinus communis GN=RCOM_1202350 PE=3 SV=1	B9SZB6	27	49383	3 (1)	3 (1)
Arogenate dehydratase 4, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ADT4 PE=1 SV=1	Q22241	25	46352	2 (1)	1 (1)
Asparagine--tRNA ligase, cytoplasmic 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=SYNC3 PE=1 SV=1	Q9SSK1	23	64173	4 (1)	4 (1)
Aspartate aminotransferase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP3 PE=1 SV=1	P46644	41	49152	6 (1)	6 (1)
Aspartate aminotransferase, cytoplasmic isozyme 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ASP2 PE=1 SV=2	P46645	23	44467	2 (1)	2 (1)
Aspartate carbamoyltransferase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PYRB PE=2 SV=2	P49077	28	43424	4 (1)	2 (1)
Aspartic proteinase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RAP PE=2 SV=2	P42211	25	54910	1 (1)	1 (1)
AT-hook motif nuclear-localized protein 14 OS=Arabidopsis thaliana GN=AHL14 PE=1 SV=1	A1L4X7	23	43533	2 (1)	2 (1)
ATP synthase epsilon chain, chloroplastic OS=Welwitschia mirabilis GN=atpE PE=3 SV=1	B2Y1W6	28	15310	2 (1)	2 (1)
ATP synthase subunit alpha, chloroplastic OS=Dioscorea elephantipes GN=atpA PE=3 SV=1	A6MMJ2	118	55118	6 (2)	5 (2)
ATP synthase subunit alpha, mitochondrial OS=Nicotiana glauca GN=ATPA PE=3 SV=1	P05495	108	55476	8 (5)	5 (4)
ATP synthase subunit beta, chloroplastic OS=Coffea arabica GN=atpB PE=3 SV=1	A0A342	243	53690	13 (10)	11 (10)
ATP synthase subunit beta, mitochondrial OS=Zea mays GN=ATPB PE=2 SV=1	P19023	398	59181	16 (8)	10 (6)
ATP synthase subunit beta-1, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g08670 PE=1 SV=1	P83483	207	59805	11 (8)	8 (7)
ATP-citrate synthase beta chain protein 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ACLB-1 PE=2 SV=1	Q93VT8	56	66541	7 (1)	7 (1)
ATP-citrate synthase beta chain protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACLB-2 PE=1 SV=1	Q9FGX1	47	66356	6 (1)	6 (1)
ATP-dependent 6-phosphofructokinase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=PFK7 PE=1 SV=1	Q9C5J7	33	53847	4 (1)	3 (1)
ATP-dependent RNA helicase DEAH13 OS=Arabidopsis thaliana GN=FAS4 PE=2 SV=1	Q9C813	31	140141	7 (1)	7 (1)
ATP-dependent zinc metalloprotease FTSH 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=FTSH1 PE=1 SV=2	Q39102	39	76883	4 (1)	3 (1)
AT-rich interactive domain-containing protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=ARID3 PE=1 SV=1	Q940Y3	21	86745	3 (1)	2 (1)
Autophagy-related protein 16 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATG16 PE=2 SV=1	Q6NNP0	21	57133	4 (1)	4 (1)
Auxilin-related protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=AUX11 PE=1 SV=2	Q9SU08	25	99907	4 (1)	4 (1)
Auxin response factor 16 OS=Arabidopsis thaliana GN=ARF16 PE=2 SV=1	Q93YR9	23	74673	5 (1)	4 (1)
Auxin response factor 22 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ARF22 PE=2 SV=1	Q9AV47	22	76474	2 (1)	2 (1)
Auxin-induced protein IAA6 OS=Pisum sativum GN=IAA6 PE=2 SV=1	P49680	27	20716	1 (1)	1 (1)

Auxin-repressed 12.5 kDa protein OS=Frangaria ananassa PE=2 SV=1	Q05349	53	12408	4 (1)	4 (1)
B3 domain-containing protein At3g17010 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g17010 PE=2 SV=1	Q9LSP6	27	35492	4 (1)	3 (1)
B3 domain-containing protein At5g57720 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g57720 PE=2 SV=1	Q9FHH1	24	34548	1 (1)	1 (1)
B3 domain-containing protein REM17 OS=Arabidopsis thaliana GN=REM17 PE=2 SV=2	Q84WP3	53	106249	4 (1)	3 (1)
B3 domain-containing protein REM7 OS=Arabidopsis thaliana GN=REM7 PE=2 SV=1	Q8H2D0	27	28968	6 (1)	5 (1)
Basic endochitinase OS=Nicotiana tabacum PE=2 SV=1	P29061	59	32772	2 (1)	2 (1)
Basic form of pathogenesis-related protein 1 OS=Nicotiana tabacum PE=3 SV=1	P11670	62	20059	1 (1)	1 (1)
B-box zinc finger protein 19 OS=Arabidopsis thaliana GN=BBX19 PE=2 SV=1	C0SVM5	21	20818	1 (1)	1 (1)
B-box zinc finger protein 20 OS=Arabidopsis thaliana GN=BBX20 PE=1 SV=1	Q0IGM7	22	27561	1 (1)	1 (1)
BEL1-like homeodomain protein 11 OS=Arabidopsis thaliana GN=BLH11 PE=2 SV=1	Q1PFD1	25	33288	2 (1)	2 (1)
Beta-adaptin-like protein A OS=Arabidopsis thaliana GN=BETAA-AD PE=1 SV=1	Q9LDK9	23	94119	6 (1)	6 (1)
Beta-amylase OS=Glycine max GN=BMY1 PE=1 SV=3	P10538	97	56449	7 (5)	5 (4)
Beta-galactosidase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=BGAL3 PE=1 SV=1	Q9SCV9	24	96329	3 (1)	3 (1)
Beta-glucosidase 20 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=BGLU20 PE=2 SV=1	B9FHH2	21	58387	1 (1)	1 (1)
Beta-glucosidase 4 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=BGLU4 PE=2 SV=1	Q5N863	25	55488	5 (1)	5 (1)
Beta-glucosidase-like SFR2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=SFR2 PE=1 SV=1	Q93Y07	25	70961	5 (1)	4 (1)
Beta-glucuronosyltransferase GlcAT14C OS=Arabidopsis thaliana GN=GLCAT14C PE=2 SV=1	Q8S8P3	25	44602	5 (1)	3 (1)
Betaine aldehyde dehydrogenase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=BADH1 PE=1 SV=1	O24174	26	55354	1 (1)	1 (1)
Beta-phellandrene synthase (neryl-diphosphate-cyclizing), chloroplastic OS=Solanum lycopersicum GN=PHS1 PE=1 SV=1	C1K5M3	22	91730	3 (1)	3 (1)
Bifunctional aspartate aminotransferase and glutamate/aspartate-prephenate aminotransferase OS=Petunia hybrida PE=1 SV=1	E9L7A5	68	51996	2 (1)	2 (1)
Bifunctional aspartokinase/homoserine dehydrogenase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=AKHSDH1 PE=1 SV=1	Q9SA18	24	100026	7 (1)	7 (1)
Bifunctional dihydrofolate reductase-thymidylate synthase OS=Daucus carota PE=2 SV=1	P45350	22	59848	2 (1)	2 (1)
Bifunctional pinorexinol-lariciresinol reductase OS=Forsythia intermedia GN=PLR_Fi1 PE=1 SV=1	P93143	28	35078	3 (1)	2 (1)
Biotin carboxylase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CAC2 PE=1 SV=1	O04983	24	58863	8 (1)	3 (1)
Biotin synthase OS=Arabidopsis thaliana GN=BIO2 PE=2 SV=1	P54967	24	42282	1 (1)	1 (1)
Biotin--protein ligase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=HCS2 PE=2 SV=1	F4I4W2	26	37528	1 (1)	1 (1)
BTB/POZ domain-containing protein At5g47800 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g47800 PE=2 SV=1	Q9FIK1	24	64061	3 (1)	3 (1)



Caffeic acid 3-O-methyltransferase (Fragment) OS=Eucalyptus globulus GN=COMT1 PE=3 SV=1	Q9SWC2	28	34778	1 (1)	1 (1)
Calcium uniporter protein 6, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g09575 PE=2 SV=1	F4I111	22	34010	1 (1)	1 (1)
Calcium/calmodulin-dependent serine/threonine-protein kinase OS=Malus domestica PE=2 SV=1	Q07250	29	46748	5 (1)	4 (1)
Calcium-dependent protein kinase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=CPK7 PE=2 SV=1	Q38873	28	60671	5 (1)	4 (1)
Calcium-dependent protein kinase 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=CPK9 PE=1 SV=1	Q38868	21	60724	5 (2)	4 (2)
Calcium-transporting ATPase 2, plasma membrane-type OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os03g0616400 PE=2 SV=1	Q6ATV4	23	112798	4 (1)	3 (1)
Calcium-transporting ATPase 3, plasma membrane-type OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os01g0939100 PE=2 SV=1	Q8RUN1	39	113511	4 (1)	4 (1)
Callose synthase 11 OS=Arabidopsis thaliana GN=CALS11 PE=2 SV=1	Q9S9U0	29	206306	5 (1)	5 (1)
Callose synthase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=CALS7 PE=3 SV=3	Q9SHJ3	27	228855	10 (1)	8 (1)
Carbamoyl-phosphate synthase large chain, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CARB PE=1 SV=1	Q42601	25	131072	4 (1)	4 (1)
Carbon catabolite repressor protein 4 homolog 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=CCR4-5 PE=2 SV=2	Q0WKY2	22	52519	2 (1)	1 (1)
Casparian strip membrane protein 1 OS=Medicago truncatula GN=MTR_5g041900 PE=3 SV=1	G7KGQ4	38	20136	4 (1)	3 (1)
Casparian strip membrane protein 2 OS=Medicago truncatula GN=MTR_4g081880 PE=3 SV=1	G7JG80	30	20694	3 (1)	3 (1)
CASP-like protein 1B1 OS=Zea mays PE=2 SV=1	B6TUH4	24	21708	5 (1)	2 (1)
CASP-like protein 1E1 OS=Ricinus communis GN=RCOM_0680180 PE=2 SV=1	B9RT04	21	20941	1 (1)	1 (1)
CASP-like protein 2A1 OS=Sorghum bicolor GN=Sb06g005640 PE=2 SV=1	C5YDQ9	24	22057	3 (1)	3 (1)
CASP-like protein 4B1 OS=Sorghum bicolor GN=Sb01g038100 PE=2 SV=1	C5WNF5	22	23189	1 (1)	1 (1)
CASP-like protein 4U1 OS=Sorghum bicolor GN=Sb03g029220 PE=2 SV=1	C5XEK4	22	48465	2 (1)	2 (1)
CASP-like protein N24 OS=Medicago truncatula GN=N24 PE=2 SV=1	O24088	26	26683	5 (1)	3 (1)
Catalase isozyme 1 (Fragment) OS=Nicotiana plumbaginifolia GN=CAT1 PE=2 SV=1	P49315	183	56214	4 (3)	4 (3)
Catalase isozyme 1 OS=Cucurbita pepo GN=CAT1 PE=2 SV=1	P48350	61	57376	3 (1)	3 (1)
Catalase isozyme 2 OS=Hordeum vulgare GN=CAT2 PE=2 SV=1	P55308	41	57390	3 (1)	3 (1)
Catalase isozyme 3 OS=Cucurbita pepo GN=CAT3 PE=2 SV=1	P48352	54	57499	3 (1)	3 (1)
Catalase OS=Ipomoea batatas PE=2 SV=1	P07145	38	57348	2 (1)	2 (1)
Catalase-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CAT2 PE=2 SV=3	P25819	179	57237	4 (3)	4 (3)
Catalase-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=CAT3 PE=1 SV=3	Q42547	148	57059	6 (4)	5 (3)
CAX-interacting protein 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=CXIP4 PE=1 SV=2	Q84Y18	26	37981	3 (1)	2 (1)

CBL-interacting protein kinase 4 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CIPK4 PE=2 SV=2	Q2QMI0	29	49425	3 (1)	3 (1)
CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CIPK1 PE=1 SV=2	Q8RWC9	26	50244	3 (1)	3 (1)
CBL-interacting serine/threonine-protein kinase 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CIPK4 PE=1 SV=1	Q9SUL7	29	47967	11 (1)	2 (1)
Cell division control protein 2 homolog OS= <i>Vigna unguiculata</i> GN=CDC2 PE=2 SV=1	P52389	25	34150	3 (1)	3 (1)
Cell division control protein 48 homolog A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CDC48A PE=1 SV=1	P54609	160	90079	8 (3)	8 (3)
Cell division control protein 48 homolog E OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CDC48E PE=1 SV=2	Q9LZF6	44	90700	5 (1)	5 (1)
Cell division cycle protein 48 homolog OS= <i>Glycine max</i> GN=CDC48 PE=2 SV=1	P54774	59	90512	5 (2)	4 (2)
Cell division protein FtsZ homolog 2-1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=FTSZ2-1 PE=1 SV=2	O82533	21	50747	4 (1)	4 (1)
Cellulose synthase-like protein D2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CSLD2 PE=3 SV=1	Q9LFL0	39	129589	4 (1)	3 (1)
Cellulose synthase-like protein D3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CSLD3 PE=1 SV=1	Q9M9M4	23	129817	6 (1)	6 (1)
Cellulose synthase-like protein D4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CSLD4 PE=2 SV=1	Q9SZL9	35	125713	12 (1)	10 (1)
Cellulose synthase-like protein E1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CSLE1 PE=2 SV=1	Q8VZK9	24	83548	1 (1)	1 (1)
Cellulose synthase-like protein E2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CSLE2 PE=2 SV=1	Q0DXZ1	22	84960	2 (1)	2 (1)
Chalcone synthase 1 OS= <i>Medicago sativa</i> GN=CHS1 PE=2 SV=1	P30073	22	43138	3 (1)	3 (1)
Chalcone synthase 2 OS= <i>Hordeum vulgare</i> GN=CHS2 PE=2 SV=1	Q96562	22	43560	1 (1)	1 (1)
Chalcone synthase OS= <i>Perilla frutescens</i> GN=CHS PE=2 SV=1	O04111	25	43001	3 (1)	3 (1)
Chalcone--flavonone isomerase OS= <i>Pyrus communis</i> GN=CHI PE=2 SV=1	A5HBK6	112	23520	1 (1)	1 (1)
Chaperone protein ClpB1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CLPB1 PE=2 SV=1	Q6F2Y7	78	101062	8 (4)	6 (4)
Chaperonin 60 subunit beta 1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPN60B1 PE=1 SV=3	P21240	80	64169	7 (2)	6 (2)
Chaperonin CPN60, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPN60 PE=1 SV=2	P29197	84	61584	2 (1)	2 (1)
Chaperonin CPN60-1, mitochondrial OS= <i>Zea mays</i> GN=CPN60I PE=1 SV=2	P29185	36	61458	2 (1)	2 (1)
Chitinase 5 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Cht5 PE=2 SV=1	Q7Y1Z0	29	31322	5 (2)	2 (1)
Chlorophyll a-b binding protein 13, chloroplastic OS= <i>Solanum lycopersicum</i> GN=CAB13 PE=1 SV=1	P27489	24	28661	1 (1)	1 (1)
Chlorophyll a-b binding protein CP26, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=LHCB5 PE=1 SV=1	Q9XF89	38	30195	1 (1)	1 (1)
Chlorophyll a-b binding protein of LHClI type I, chloroplastic OS= <i>Chlamydomonas moewusii</i> PE=2 SV=1	P22686	31	27168	2 (1)	2 (1)
Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=OsI_012078 PE=2 SV=1	A2XJ35	34	28534	4 (2)	2 (2)
Chloroplast envelope membrane 70 kDa heat shock-related protein OS= <i>Spinacia oleracea</i> GN=SCE70 PE=1 SV=3	P29357	272	72143	10 (5)	7 (4)

Chloroplastic group IIA intron splicing facilitator CRS1, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os08g0360100 PE=2 SV=1	Q6YYA3	21	82925	6 (2)	5 (2)
Chromatin remodeling protein EBS OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=EBS PE=1 SV=1	F4JL28	22	27233	2 (1)	2 (1)
Cilia- and flagella-associated protein 43 OS= <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> GN=CFAP43 PE=1 SV=1	A8JAF2	22	178923	4 (1)	4 (1)
Cilia- and flagella-associated protein 53 OS= <i>Chlamydomonas reinhardtii</i> GN=CFAP53 PE=1 SV=1	A8IRJ7	25	56570	6 (1)	5 (1)
Class I heat shock protein (Fragment) OS= <i>Glycine max</i> GN=HSP6834-A PE=3 SV=1	P02520	32	8405	2 (1)	2 (1)
Clathrin heavy chain 2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os12g0104800 PE=3 SV=1	Q2QYW2	52	194536	4 (2)	3 (1)
Cleavage and polyadenylation specificity factor subunit 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPSF160 PE=1 SV=2	Q9FGR0	23	159458	3 (1)	3 (1)
Coatomer subunit delta-3 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os01g0833700 PE=2 SV=2	P49661	28	57406	4 (1)	4 (1)
Coatomer subunit gamma-2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os07g0201100 PE=2 SV=1	Q6Z382	24	99233	3 (1)	3 (1)
COP9 signalosome complex subunit 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CSN2 PE=1 SV=1	Q8W207	25	51496	2 (1)	2 (1)
Copper transporter 3 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=COPT3 PE=2 SV=1	Q5ZD08	21	15689	1 (1)	1 (1)
Cullin-1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CUL1 PE=1 SV=1	Q94AH6	31	86988	2 (1)	2 (1)
Cullin-4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CUL4 PE=1 SV=1	Q8LGH4	24	91870	2 (1)	2 (1)
Cyanate hydratase OS= <i>Zea mays</i> GN=CYN PE=2 SV=1	B6TTW1	21	18571	3 (1)	3 (1)
Cyclin-A3-2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CYCA3-2 PE=2 SV=1	Q2QN26	30	42537	2 (1)	2 (1)
Cyclin-D1-2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CYCD1-2 PE=3 SV=2	Q8H339	36	38884	1 (1)	1 (1)
Cysteine protease 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=CP1 PE=2 SV=2	Q7XR52	25	53863	4 (1)	4 (1)
Cysteine proteinase inhibitor 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CYS2 PE=2 SV=2	Q8L5T9	26	16137	4 (2)	1 (1)
Cysteine proteinase inhibitor 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CYS4 PE=3 SV=2	Q84WT8	23	12605	1 (1)	1 (1)
Cysteine synthase OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=RCS3 PE=2 SV=1	Q9XEA8	24	34399	4 (1)	4 (1)
Cysteine synthase, chloroplastic/chromoplastic OS= <i>Spinacia oleracea</i> GN=CYSK PE=1 SV=2	P32260	23	40896	2 (1)	2 (1)
Cysteine-rich receptor-like protein kinase 11 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CRK11 PE=2 SV=2	Q9ZP16	30	75004	4 (1)	4 (1)
Cytochrome b559 subunit alpha OS= <i>Oltmannsiellopsis viridis</i> GN=psbE PE=3 SV=1	Q20EW2	24	9427	1 (1)	1 (1)
Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic OS= <i>Fritillaria agrestis</i> GN=petC PE=2 SV=1	O49078	45	24624	1 (1)	1 (1)
Cytochrome b6-f complex subunit 4 OS= <i>Chara vulgaris</i> GN=petD PE=3 SV=1	Q1ACH0	23	17462	1 (1)	1 (1)
Cytochrome c biogenesis protein CCS1, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CCS1 PE=1 SV=1	Q9XIA4	22	59583	2 (1)	2 (1)
Cytochrome c oxidase subunit 2 OS= <i>Beta vulgaris</i> GN=COX2 PE=2 SV=1	P98012	25	29729	1 (1)	1 (1)

Cytochrome c1-1, heme protein, mitochondrial OS=Solanum tuberosum GN=CYCL PE=2 SV=1	P25076	33	35308	1 (1)	1 (1)
Cytochrome f OS=Gnetum parvifolium GN=petA PE=3 SV=1	A6BM17	31	35402	2 (1)	2 (1)
Cytochrome P450 709B1 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP709B1 PE=2 SV=1	Q9ASR3	34	59964	2 (1)	2 (1)
Cytochrome P450 716B2 OS=Picea sitchensis GN=CYP716B2 PE=2 SV=1	Q50EK0	25	56764	1 (1)	1 (1)
Cytochrome P450 71A27 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP71A27 PE=3 SV=3	O65438	24	57506	3 (1)	3 (1)
Cytochrome P450 71A6 (Fragment) OS=Nepeta racemosa GN=CYP71A6 PE=2 SV=1	O04164	39	58317	2 (1)	2 (1)
Cytochrome P450 71D15 OS=Mentha piperita GN=CYP71D15 PE=1 SV=1	Q9XHE6	25	56951	5 (1)	4 (1)
Cytochrome P450 76A2 OS=Solanum melongena GN=CYP76A2 PE=2 SV=1	P37122	23	57998	4 (1)	3 (1)
Cytochrome P450 83B1 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP83B1 PE=1 SV=1	O65782	25	57095	3 (1)	2 (1)
Cytochrome P450 93A3 OS=Glycine max GN=CYP93A3 PE=2 SV=1	O81973	24	58445	5 (1)	5 (1)
Cytoplasmic dynein 2 heavy chain 1 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=DHC1B PE=1 SV=2	Q9SMH5	41	483515	17 (2)	14 (1)
Cytosolic invertase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CINV1 PE=1 SV=1	Q69T31	27	63980	3 (1)	2 (1)
Cytosolic isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Arabidopsis thaliana GN=CICDH PE=2 SV=1	Q9SRZ6	64	46059	4 (3)	4 (3)
DDT domain-containing protein DDR4 OS=Arabidopsis thaliana GN=DDR4 PE=1 SV=1	F4IDY7	26	86483	7 (1)	6 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 17 OS=Arabidopsis thaliana GN=RH17 PE=2 SV=1	Q7XJN0	23	68513	1 (1)	1 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 21 OS=Arabidopsis thaliana GN=RH21 PE=2 SV=1	P93008	25	85453	9 (1)	6 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 22 OS=Arabidopsis thaliana GN=RH22 PE=2 SV=1	Q944S1	24	65220	3 (1)	1 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 28 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os12g0481100 PE=2 SV=2	Q0INC5	31	89966	6 (1)	5 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=RH3 PE=1 SV=2	Q8L7S8	29	81449	1 (1)	1 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 34 OS=Arabidopsis thaliana GN=RH34 PE=2 SV=2	Q9C8J1	24	44614	2 (1)	2 (1)
DEAD-box ATP-dependent RNA helicase 52C OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os11g0599500 PE=3 SV=1	Q2R1M8	46	66232	3 (1)	3 (1)
Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase A OS=Arabidopsis thaliana GN=P5CSA PE=1 SV=1	P54887	24	78110	4 (1)	4 (1)
Delta-aminolevulinic acid dehydratase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=HEMB1 PE=2 SV=1	Q9SFH9	24	47117	2 (1)	1 (1)
DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH12 OS=Arabidopsis thaliana GN=EMB1507 PE=2 SV=1	Q9SYP1	24	247976	7 (1)	7 (1)
DExH-box ATP-dependent RNA helicase DExH18, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g39840 PE=3 SV=1	F4KfV7	22	89165	7 (1)	4 (1)
DIBOA-glucoside dioxygenase BX6 OS=Zea mays GN=BX6 PE=1 SV=1	Q84TC2	21	41628	2 (1)	2 (1)
Dihomomethionine N-hydroxylase OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP79F1 PE=1 SV=1	Q949U1	23	62226	3 (1)	3 (1)

Dihydrolipoyl dehydrogenase 1, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=LPD1 PE=1 SV=2	Q9M5K3	80	54239	7 (1)	7 (1)
Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component 2 of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g13930 PE=2 SV=2	Q8RWN9	44	58887	2 (1)	2 (1)
Dihydroxy-acid dehydratase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=DHAD PE=1 SV=1	Q9LIR4	128	65556	3 (2)	3 (2)
Disease resistance protein At4g27190 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g27190 PE=2 SV=1	Q9T048	25	114186	6 (1)	6 (1)
Disease resistance protein RFL1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RFL1 PE=3 SV=2	Q8L3R3	26	103033	2 (1)	2 (1)
Disease resistance protein RPM1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPM1 PE=1 SV=1	Q39214	42	107556	7 (1)	7 (1)
Disease resistance protein RPP4 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPP4 PE=1 SV=1	F4JNA9	22	132227	1 (1)	1 (1)
Disease resistance protein RRS1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RRS1 PE=1 SV=1	P0DKH5	25	147838	5 (1)	5 (1)
DNA polymerase delta catalytic subunit OS=Arabidopsis thaliana GN=POLD1 PE=2 SV=2	Q9LVN7	24	124526	5 (1)	5 (1)
DNA polymerase I B, mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os08g0175600 PE=3 SV=1	Q6Z4T3	23	116993	4 (1)	3 (1)
DNA repair and recombination protein RAD54 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RAD54 PE=1 SV=1	A4PBL4	23	109546	3 (1)	3 (1)
DNA repair protein RAD50 OS=Arabidopsis thaliana GN=RAD50 PE=1 SV=2	Q9SL02	28	153632	5 (1)	5 (1)
DNA repair protein recA homolog 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=RECA PE=2 SV=1	Q39199	32	48159	4 (1)	4 (1)
DNA repair protein REV1 OS=Arabidopsis thaliana GN=REV1 PE=2 SV=1	A3EWL3	21	123354	4 (1)	4 (1)
DNA replication licensing factor MCM2 OS=Arabidopsis thaliana GN=MCM2 PE=1 SV=1	Q9LPD9	24	106088	4 (1)	4 (1)
DNA topoisomerase 3-alpha OS=Arabidopsis thaliana GN=TOP3A PE=1 SV=1	Q9LVP1	26	105166	7 (1)	6 (1)
DNA-(apurinic or apyrimidinic site) lyase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ARP PE=1 SV=2	P45951	26	60622	3 (1)	3 (1)
DNA-directed RNA polymerase 1B, mitochondrial OS=Nicotiana tabacum GN=RPOT1-TOM PE=2 SV=2	Q8L6J5	28	114485	4 (2)	4 (2)
DNA-directed RNA polymerase subunit alpha, chloroplastic OS=Physcomitrella patens subsp. patens GN=rpoA PE=2 SV=1	P60315	24	49723	5 (1)	5 (1)
DNA-directed RNA polymerase subunit beta N-terminal section OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=rpoB1 PE=2 SV=1	Q8HTL6	21	93297	6 (1)	6 (1)
DNA-directed RNA polymerase subunit beta" OS=Lactuca sativa GN=rpoC2 PE=3 SV=2	Q56P11	27	157906	7 (2)	5 (1)
DnaJ protein homolog ANJ1 OS=Atriplex nummularia PE=2 SV=1	P43644	30	47163	2 (1)	2 (1)
Dolichyl-diphosphooligosaccharide--protein glycosyltransferase 48 kDa subunit OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=OST48 PE=2 SV=1	Q6ZLK0	33	48417	1 (1)	1 (1)
DUF21 domain-containing protein At2g14520 OS=Arabidopsis thaliana GN=CBSDUF3 PE=2 SV=2	Q9ZQR4	27	47683	2 (1)	2 (1)
Dynein alpha chain, flagellar outer arm OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=ODA11 PE=3 SV=2	Q39610	25	507002	8 (1)	7 (1)
E3 SUMO-protein ligase SIZ2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SIZ2 PE=2 SV=1	Q6ASW7	24	90973	3 (1)	2 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase ATL4 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATL4 PE=1 SV=1	Q9LY41	35	37109	1 (1)	1 (1)

E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=BRE1A PE=3 SV=2	A2XW69	25	101249	18 (2)	2 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase HOS1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=HOS1 PE=1 SV=1	Q84JU6	21	106532	5 (1)	4 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase listerin OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g58410 PE=3 SV=1	Q9FGI1	28	210664	8 (1)	7 (1)
E3 ubiquitin-protein ligase UPL3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UPL3 PE=1 SV=1	Q6WWW4	21	204342	8 (1)	7 (1)
Early nodulin-like protein 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At2g25060 PE=1 SV=2	Q9SK27	28	19698	1 (1)	1 (1)
Electron transfer flavoprotein subunit alpha, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ETFA PE=1 SV=1	Q9C6I6	40	38612	3 (1)	3 (1)
Elongation factor 1-alpha OS= <i>Nicotiana tabacum</i> PE=2 SV=1	P43643	169	49593	7 (5)	5 (3)
Elongation factor 1-delta 1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os07g0614500 PE=2 SV=3	Q40680	27	24904	3 (1)	2 (1)
Elongation factor 1-gamma 3 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os06g0571400 PE=2 SV=1	Q5Z627	32	47702	3 (1)	3 (1)
Elongation factor 1-gamma OS= <i>Prunus avium</i> PE=2 SV=1	Q9FUM1	136	48184	2 (2)	2 (2)
Elongation factor 2 OS= <i>Beta vulgaris</i> PE=2 SV=1	O23755	89	94708	17 (4)	15 (4)
Elongation factor G, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=CPEFG PE=1 SV=1	Q9SI75	24	86345	5 (1)	5 (1)
Elongation factor G-2, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MEFG2 PE=2 SV=1	F4IW10	35	83288	2 (1)	2 (1)
Elongation factor Tu, chloroplastic OS= <i>Pisum sativum</i> GN=tufA PE=2 SV=1	O24310	52	53131	3 (2)	3 (2)
Elongation factor Tu, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TUFA PE=1 SV=1	Q9ZT91	31	49607	3 (1)	3 (1)
Elongator complex protein 3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=HAG3 PE=1 SV=1	Q93ZR1	27	64395	2 (1)	2 (1)
Em-like protein OS= <i>Picea glauca</i> PE=3 SV=1	Q40864	26	9765	2 (1)	2 (1)
Endochitinase A OS= <i>Zea mays</i> PE=1 SV=1	P29022	25	30018	1 (1)	1 (1)
Endoglucanase 6 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g64390 PE=2 SV=2	Q42059	25	68834	2 (1)	2 (1)
Endoribonuclease Dicer homolog 3a OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=DCL3A PE=2 SV=1	Q5N870	26	187226	5 (1)	5 (1)
Endoribonuclease Dicer homolog 3b OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=DCL3B PE=3 SV=2	Q7XD96	40	187286	3 (1)	3 (1)
Enolase 1 OS= <i>Hevea brasiliensis</i> GN=ENO1 PE=1 SV=1	Q9LEJ0	100	48029	9 (5)	5 (3)
Enolase OS= <i>Ricinus communis</i> PE=2 SV=1	P42896	158	48111	9 (4)	4 (3)
Enoyl-[acyl-carrier-protein] reductase [NADH] 1, chloroplastic OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os08g0327400 PE=2 SV=1	Q6Z0I4	21	39277	3 (1)	3 (1)
Ethylene-responsive transcription factor 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ERF2 PE=2 SV=1	O80338	26	27008	1 (1)	1 (1)
Eukaryotic initiation factor 4A-15 OS= <i>Nicotiana tabacum</i> PE=2 SV=1	Q40468	54	46972	8 (3)	8 (3)
Eukaryotic initiation factor 4A-3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TIF4A-3 PE=1 SV=1	Q9CAI7	34	47083	3 (1)	3 (1)

Eukaryotic translation initiation factor 3 subunit C OS=Arabidopsis thaliana GN=TIF3C1 PE=1 SV=2	O49160	22	103283	5 (1)	5 (1)
Eukaryotic translation initiation factor 4G OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os07g0555200 PE=2 SV=2	B9FXV5	29	194041	5 (2)	3 (1)
Eukaryotic translation initiation factor 5A OS=Manihot esculenta PE=2 SV=2	Q9AXJ4	82	17833	4 (3)	2 (1)
Eukaryotic translation initiation factor isoform 4G-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=EIF(ISO)4G2 PE=1 SV=1	O82233	86	83408	3 (1)	3 (1)
Exocyst complex component SEC3A OS=Arabidopsis thaliana GN=SEC3A PE=1 SV=1	Q9SX85	22	100742	7 (1)	7 (1)
Exonuclease 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=EXO1 PE=2 SV=1	Q60GC1	24	93387	2 (1)	2 (1)
Exosome complex exonuclease RRP44 homolog A OS=Arabidopsis thaliana GN=RRP44A PE=2 SV=2	Q9SHL7	24	105615	1 (1)	1 (1)
Expansin-A16 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=EXPA16 PE=2 SV=1	Q69XV9	25	28550	2 (2)	1 (1)
Expansin-B1 (Fragments) OS=Pseudotsuga menziesii PE=1 SV=1	P85909	24	2800	3 (1)	3 (1)
Expansin-B17 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=EXPB17 PE=3 SV=2	Q7X6J9	23	30080	1 (1)	1 (1)
Fasciclin-like arabinogalactan protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=FLA1 PE=1 SV=1	Q9FM65	24	45049	2 (1)	2 (1)
Fatty acyl-CoA reductase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=FAR3 PE=2 SV=1	Q93ZB9	22	56341	6 (1)	6 (1)
FBD-associated F-box protein At5g60610 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g60610 PE=2 SV=1	Q9FF58	24	45723	1 (1)	1 (1)
F-box protein At1g78280 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g78280 PE=2 SV=3	Q9M9E8	28	109576	4 (1)	4 (1)
F-box protein At5g03100 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g03100 PE=2 SV=1	Q501G5	38	35271	2 (1)	2 (1)
F-box protein PP2-B1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PP2B1 PE=1 SV=1	Q6NPT8	25	37448	3 (1)	2 (1)
F-box/FBD/LRR-repeat protein At5g56570 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g56570 PE=2 SV=1	Q9FJV1	22	51279	1 (1)	1 (1)
F-box/kelch-repeat protein At5g38670 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g38670 PE=2 SV=1	Q9FFV5	22	34380	3 (1)	3 (1)
F-box/LRR-repeat protein 10 OS=Arabidopsis thaliana GN=FBL10 PE=2 SV=1	Q9SDA8	29	73604	6 (1)	3 (1)
Ferredoxin--NADP reductase, chloroplastic OS=Vicia faba GN=PETH PE=2 SV=1	P41346	25	40838	5 (1)	5 (1)
Ferredoxin-thioredoxin reductase catalytic chain, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=FTRC PE=2 SV=1	Q9SJ89	25	16879	2 (1)	2 (1)
Ferric reduction oxidase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=FRO2 PE=1 SV=2	P92949	28	82075	2 (1)	2 (1)
Ferritin-2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=FER2 PE=2 SV=1	Q9SRL5	38	28360	4 (1)	4 (1)
FHA domain-containing protein PS1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PS1 PE=2 SV=1	B7SY83	35	164440	3 (1)	3 (1)
Filament-like plant protein 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=FPP4 PE=1 SV=1	Q0WSY2	29	110827	5 (1)	5 (1)
Fimbrin-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=FIM4 PE=3 SV=1	Q9SJ84	26	73853	1 (1)	1 (1)
Flap endonuclease 1 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=FEN1 PE=3 SV=1	A8J2Z9	25	43903	3 (1)	3 (1)



Flavanone 3-dioxygenase OS=Petroselinum crispum GN=FHT PE=1 SV=1	Q7XZQ7	83	41705	4 (1)	4 (1)
Flavin-containing monooxygenase FMO GS-OX-like 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g62600 PE=2 SV=1	Q94BV5	23	51622	4 (1)	2 (1)
Flavonol sulfotransferase-like OS=Flaveria bidentis PE=2 SV=1	P52838	24	36179	2 (1)	1 (1)
Flowering locus K homology domain OS=Arabidopsis thaliana GN=FLK PE=1 SV=1	Q9SR13	35	63422	2 (1)	2 (1)
Flowering time control protein FPA OS=Arabidopsis thaliana GN=FPA PE=2 SV=2	Q8LPQ9	21	99992	3 (1)	3 (1)
Formate dehydrogenase 1, mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os06g0486800 PE=1 SV=2	Q9SXP2	21	41543	3 (1)	3 (1)
Formate dehydrogenase, mitochondrial OS=Solanum tuberosum GN=FDH1 PE=1 SV=2	Q07511	41	42297	6 (3)	5 (3)
Formin-like protein 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=FH1 PE=2 SV=1	Q8S0F0	28	102092	4 (1)	4 (1)
Formin-like protein 13 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=FH13 PE=2 SV=1	Q0D519	23	84101	4 (1)	4 (1)
Formin-like protein 8 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=FH8 PE=2 SV=1	Q10Q99	30	95627	2 (1)	2 (1)
Fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os01g0866400 PE=2 SV=2	Q0JHF8	31	37468	3 (1)	3 (1)
Fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os11g0171300 PE=1 SV=2	Q40677	167	42208	3 (3)	3 (3)
Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme 1 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	P46256	52	38707	2 (1)	2 (1)
Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme 2 OS=Pisum sativum PE=3 SV=1	P46257	156	38638	2 (2)	2 (2)
Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme OS=Zea mays PE=2 SV=1	P08440	45	39036	3 (2)	3 (2)
Fumarate hydratase 1, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=FUM1 PE=2 SV=2	P93033	52	53479	5 (1)	5 (1)
G2/mitotic-specific cyclin C13-1 (Fragment) OS=Daucus carota PE=2 SV=1	P25010	27	39098	3 (1)	3 (1)
G-box-binding factor 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=GBF2 PE=1 SV=1	P42775	23	38822	2 (1)	2 (1)
GDP-mannose 3,5-epimerase OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g28840 PE=1 SV=1	Q93VR3	32	43130	4 (1)	4 (1)
GDSL esterase/lipase LTL1 OS=Arabidopsis thaliana GN=LTL1 PE=2 SV=1	Q9M8Y5	21	40522	2 (1)	2 (1)
Geraniol dehydrogenase 1 OS=Ocimum basilicum GN=GEDH1 PE=1 SV=1	Q2KNL6	26	39418	2 (1)	2 (1)
Geranylgeranyl diphosphate reductase, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CHLP PE=2 SV=1	Q6Z2T6	21	50954	3 (1)	2 (1)
Geranylgeranyl pyrophosphate synthase 12, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g32040 PE=2 SV=1	Q9LHR4	61	39367	23 (8)	3 (1)
Germin-like protein subfamily 1 member 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g05950 PE=2 SV=1	Q9SFF9	26	24892	3 (1)	3 (1)
Germin-like protein subfamily 2 member 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=GLP8 PE=2 SV=1	P93000	85	23132	1 (1)	1 (1)
Germin-like protein subfamily 2 member 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=GLP10 PE=2 SV=1	Q9M263	26	23706	3 (1)	2 (1)
Glucose-1-phosphate adenylyltransferase small subunit 2, chloroplastic OS=Vicia faba GN=AGPP PE=2 SV=1	P52417	35	56310	2 (1)	2 (1)



Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase, cytoplasmic isoform 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACG12 PE=2 SV=1	Q9FJI5	47	59422	4 (2)	4 (2)
Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic 1A OS=Clarkia lewisii GN=PGIC1-A PE=3 SV=1	P34796	88	62878	2 (2)	1 (1)
Glutamate decarboxylase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GAD1 PE=1 SV=2	Q42521	99	57429	7 (4)	6 (3)
Glutamate decarboxylase 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=GAD4 PE=1 SV=1	Q9ZPS3	60	56312	4 (1)	4 (1)
Glutamate dehydrogenase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GDH1 PE=2 SV=1	Q43314	53	44781	2 (1)	2 (1)
Glutamate dehydrogenase A OS=Nicotiana plumbaginifolia GN=GDHA PE=2 SV=1	O04937	25	45167	2 (1)	2 (1)
Glutamate synthase 2 [NADH], chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os05g0555600 PE=2 SV=2	Q0DG35	38	241357	13 (1)	12 (1)
Glutamine synthetase cytosolic isozyme 1 OS=Glycine max PE=2 SV=1	P24099	50	38991	3 (1)	3 (1)
Glutamine synthetase cytosolic isozyme 1-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=GLN1-2 PE=1 SV=2	Q8LCE1	23	39297	1 (1)	1 (1)
Glutamine synthetase OS=Alnus glutinosa GN=GLN1 PE=2 SV=1	O04867	25	39471	2 (1)	2 (1)
Glutamine--tRNA ligase, cytoplasmic OS=Arabidopsis thaliana GN=OVA9 PE=2 SV=1	Q8W4F3	23	91703	3 (1)	3 (1)
Glutathione S-transferase F2 OS=Arabidopsis thaliana GN=GSTF2 PE=1 SV=3	P46422	22	24114	1 (1)	1 (1)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (Fragment) OS=Hordeum vulgare GN=GAPC PE=2 SV=1	P08477	223	33443	10 (8)	6 (5)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GAPC3 PE=2 SV=1	Q6K5G8	193	36716	13 (9)	9 (7)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=GAPA PE=2 SV=2	P12858	40	43597	5 (2)	4 (2)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=GAPB PE=1 SV=1	P12860	37	48552	5 (2)	4 (2)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPCP2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=GAPCP2 PE=2 SV=1	Q5E924	23	44989	4 (1)	3 (1)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic (Fragment) OS=Nicotiana tabacum GN=GAPC PE=2 SV=1	P09094	174	35682	10 (5)	8 (4)
Glycine-rich RNA-binding protein OS=Daucus carota PE=2 SV=1	Q03878	61	15765	6 (3)	3 (1)
Glycine--tRNA ligase, mitochondrial 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g29880 PE=1 SV=1	O23627	27	82576	5 (1)	4 (1)
Glyoxylate/succinic semialdehyde reductase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GLYR1 PE=1 SV=1	Q9LSV0	25	30957	2 (1)	2 (1)
Granule-bound starch synthase 1, chloroplastic/amyloplastic OS=Pisum sativum PE=1 SV=1	Q43092	51	66890	2 (1)	2 (1)
GTP-binding nuclear protein Ran-A1 OS=Nicotiana tabacum GN=RAN-A1 PE=2 SV=1	P41918	50	25345	4 (3)	4 (3)
GTP-binding protein SAR1B OS=Arabidopsis thaliana GN=SAR1B PE=1 SV=1	Q01474	57	22029	2 (1)	1 (1)
GTP-binding protein yptV1 OS=Volvox carteri GN=YPTV1 PE=3 SV=1	P31584	23	22690	4 (1)	4 (1)
Guanine nucleotide-binding protein subunit beta-like protein OS=Nicotiana tabacum GN=ARCA PE=2 SV=1	P49026	22	36322	3 (1)	3 (1)
Guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=GDI1 PE=1 SV=1	Q96254	35	50243	7 (2)	5 (2)

Guanosine nucleotide diphosphate dissociation inhibitor 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=GDI2 PE=2 SV=1	O24653	37	49906	5 (1)	5 (1)
Heat shock 70 kDa protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP70-3 PE=1 SV=1	O65719	241	71559	9 (7)	8 (6)
Heat shock 70 kDa protein OS=Zea mays GN=HSP70 PE=3 SV=2	P11143	281	70871	19 (8)	12 (6)
Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial OS=Solanum tuberosum GN=HSP68 PE=2 SV=1	Q08276	41	73317	3 (2)	3 (2)
Heat shock cognate 70 kDa protein 2 OS=Solanum lycopersicum GN=HSC-2 PE=2 SV=1	P27322	352	71062	13 (8)	9 (5)
Heat shock protein 90-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=HSP90-1 PE=1 SV=3	P27323	42	80870	6 (1)	6 (1)
Heavy metal-associated isoprenylated plant protein 26 OS=Arabidopsis thaliana GN=HIPP26 PE=1 SV=1	Q9SZN7	37	17241	1 (1)	1 (1)
Heme oxygenase 1, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=HO1 PE=2 SV=1	Q69XJ4	22	32012	3 (1)	2 (1)
Histone H2A-III OS=Volvox carteri PE=3 SV=1	P16865	33	13546	1 (1)	1 (1)
Histone H2B.1 OS=Zea mays PE=2 SV=3	P30755	25	16410	2 (1)	1 (1)
Histone H3.3 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=Osl_011536 PE=3 SV=1	A2XHJ3	31	15454	3 (2)	2 (2)
Histone H4 OS=Glycine max PE=3 SV=1	P0CG89	66	11402	2 (2)	1 (1)
Histone-lysine N-methyltransferase ATX2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATX2 PE=2 SV=1	P0CB22	22	125488	2 (1)	2 (1)
Histone-lysine N-methyltransferase EZ3 OS=Zea mays GN=EZ3 PE=2 SV=1	Q8S4P4	25	102325	3 (1)	3 (1)
Homeobox protein HAT3.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=HAT3.1 PE=2 SV=3	Q04996	23	81324	4 (1)	4 (1)
Homeobox-leucine zipper protein ATHB-X OS=Arabidopsis thaliana GN=ATHB-X PE=2 SV=1	Q8GXM7	22	23733	1 (1)	1 (1)
Homeobox-leucine zipper protein HDG4 OS=Arabidopsis thaliana GN=HDG4 PE=1 SV=1	Q8L7H4	33	80082	5 (2)	4 (1)
Homeobox-leucine zipper protein HDG9 OS=Arabidopsis thaliana GN=HDG9 PE=2 SV=1	Q9FFI0	22	81644	3 (1)	3 (1)
Homocysteine S-methyltransferase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=HMT-2 PE=1 SV=1	Q9M1W4	22	36827	3 (1)	3 (1)
Homogentisate geranylgeranyltransferase OS=Triticum aestivum GN=HGGT PE=2 SV=1	Q7XB13	22	45679	1 (1)	1 (1)
Hypersensitive-induced response protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=HIR1 PE=1 SV=1	Q9FM19	34	31696	1 (1)	1 (1)
Hypersensitive-induced response protein 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=HIR4 PE=1 SV=1	Q9FHM7	23	32586	2 (1)	2 (1)
Importin subunit beta-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=KPNB1 PE=1 SV=1	Q9FJD4	31	97167	1 (1)	1 (1)
Inactive poly [ADP-ribose] polymerase RCD1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RCD1 PE=1 SV=1	Q8RY59	23	66396	3 (1)	3 (1)
Indole-3-acetaldehyde oxidase OS=Zea mays GN=AO2 PE=2 SV=1	O23888	25	146794	7 (1)	7 (1)
Indole-3-acetate O-methyltransferase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=IAMT1 PE=1 SV=1	Q0J998	28	44122	3 (1)	3 (1)
Inositol-tetrakisphosphate 1-kinase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ITPK2 PE=1 SV=3	O81893	23	44372	3 (1)	3 (1)

Interactor of constitutive active ROPs 2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=ICR2 PE=1 SV=1	Q9ZQC5	23	65931	7 (1)	3 (1)
Interactor of constitutive active ROPs 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=ICR5 PE=1 SV=2	Q8VYU8	25	45709	5 (1)	5 (1)
Intraflagellar transport protein 172 OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=IFT172 PE=1 SV=1	Q5DM57	21	198852	2 (1)	2 (1)
Isocitrate dehydrogenase [NAD] catalytic subunit 5, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=IDH5 PE=2 SV=1	Q945K7	35	41112	3 (1)	3 (1)
Isocitrate dehydrogenase [NAD] catalytic subunit 6, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=IDH6 PE=2 SV=2	Q8LG77	67	40949	2 (1)	2 (1)
Isocitrate dehydrogenase [NAD] regulatory subunit 3, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=IDH3 PE=1 SV=1	O81796	28	40331	1 (1)	1 (1)
Isocitrate dehydrogenase [NADP] OS=Glycine max GN=IDH1 PE=2 SV=2	Q06197	75	46363	2 (1)	2 (1)
Isoflavone 4'-O-methyltransferase OS=Lotus japonicus GN=HI4'OMT PE=1 SV=1	Q84KK4	24	40949	1 (1)	1 (1)
Isoflavone reductase homolog OS=Solanum tuberosum PE=2 SV=1	P52578	80	33831	1 (1)	1 (1)
Isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase II OS=Clarkia xantiana GN=IPI2 PE=3 SV=1	Q39664	31	33257	1 (1)	1 (1)
Jacalin-related lectin 14 OS=Arabidopsis thaliana GN=JAL14 PE=2 SV=1	F4I837	24	69176	4 (1)	3 (1)
Jacalin-related lectin 43 OS=Arabidopsis thaliana GN=JAL43 PE=3 SV=1	Q9FFW7	27	55634	6 (1)	6 (1)
Ketol-acid reductoisomerase, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=PGAIR PE=2 SV=1	O82043	26	63211	4 (1)	4 (1)
KH domain-containing protein At4g26480 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g26480 PE=2 SV=1	Q0WLR1	23	33681	4 (2)	3 (1)
KH domain-containing protein At5g56140 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g56140 PE=2 SV=1	Q9FKT4	26	34020	6 (3)	4 (1)
Kinesin-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATK1 PE=2 SV=1	Q07970	23	89677	5 (1)	5 (1)
Kinesin-like calmodulin-binding protein homolog OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os04g0666900 PE=2 SV=1	Q7XPJ0	23	142496	8 (1)	8 (1)
Lactoylglutathione lyase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GLX-I PE=1 SV=2	Q948T6	58	32875	4 (1)	4 (1)
Lamin-like protein OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g15350 PE=1 SV=1	Q39131	22	19536	2 (1)	2 (1)
L-ascorbate peroxidase T, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=APXT PE=2 SV=2	Q42593	49	46292	5 (2)	4 (1)
L-ascorbate peroxidase, cytosolic OS=Pisum sativum GN=APX1 PE=1 SV=2	P48534	27	27233	2 (1)	2 (1)
Leucine aminopeptidase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PM25 PE=1 SV=1	P30184	142	54760	3 (2)	3 (2)
Leucine aminopeptidase 2, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os02g0794700 PE=2 SV=1	Q6K669	176	62179	9 (4)	7 (3)
Leucine aminopeptidase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g30920 PE=2 SV=2	Q944P7	190	61667	9 (3)	9 (3)
Leucine-rich repeat receptor protein kinase MSL1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MSL1 PE=2 SV=1	Q7F8Q9	25	154289	4 (1)	4 (1)
Light-independent protochlorophyllide reductase iron-sulfur ATP-binding protein OS=Huperzia lucidula GN=chIL PE=3 SV=1	Q5SCY9	37	32636	1 (1)	1 (1)
Light-induced protein, chloroplastic OS=Solanum tuberosum PE=1 SV=2	P80471	79	35671	3 (1)	2 (1)

Light-sensor Protein kinase OS=Ceratodon purpureus GN=PHY1 PE=3 SV=3	P25848	58	147404	16 (5)	4 (1)
Lipoxygenase 4, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=LOX4 PE=2 SV=1	Q9FNX8	27	105205	1 (1)	1 (1)
LL-diaminopimelate aminotransferase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=DAP PE=1 SV=1	Q93ZN9	21	50934	2 (1)	2 (1)
Lon protease homolog 2, peroxisomal OS=Spinacia oleracea PE=2 SV=2	O04979	23	98496	4 (2)	1 (1)
Lon protease homolog 3, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=LON3 PE=3 SV=1	Q9M9L8	24	103981	7 (1)	6 (1)
Lon protease homolog, mitochondrial OS=Zea mays GN=LON2 PE=1 SV=1	P93648	35	106164	4 (1)	3 (1)
LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase FLS2 OS=Arabidopsis thaliana GN=FLS2 PE=1 SV=1	Q9FL28	35	129655	1 (1)	1 (1)
Lycopene epsilon cyclase, chloroplastic OS=Oncidium hybrid cultivar GN=LCY-E PE=2 SV=1	D9IL24	22	58220	2 (1)	2 (1)
Lysine-specific demethylase JMJ25 OS=Arabidopsis thaliana GN=JMJ25 PE=1 SV=1	Q9SSE9	23	118289	2 (1)	2 (1)
MADS-box protein CMB1 OS=Dianthus caryophyllus GN=CMB1 PE=2 SV=1	Q39685	30	27214	2 (1)	1 (1)
MADS-box transcription factor PHERES 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PHE2 PE=1 SV=1	Q7XJK8	30	31980	1 (1)	1 (1)
Magnesium transporter MRS2-B OS=Oryza sativa subsp. indica GN=MRS2-B PE=3 SV=1	A2YFN7	29	48727	2 (1)	2 (1)
Malate dehydrogenase [NADP], chloroplastic OS=Zea mays PE=1 SV=1	P15719	25	47400	5 (1)	4 (1)
Malate dehydrogenase, cytoplasmic 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MDH1 PE=1 SV=2	P93819	53	35890	3 (1)	3 (1)
Malate dehydrogenase, cytoplasmic OS=Medicago sativa GN=CMDH PE=2 SV=1	O48905	252	35866	8 (4)	5 (4)
Malate dehydrogenase, glyoxysomal OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os12g0632700 PE=1 SV=3	Q42972	25	37818	2 (1)	2 (1)
Malate dehydrogenase, mitochondrial OS=Fragaria ananassa GN=MMDHI PE=1 SV=1	P83373	72	35828	4 (1)	4 (1)
Mannan endo-1,4-beta-mannosidase 2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MAN2 PE=2 SV=2	Q0JJD4	25	50316	1 (1)	1 (1)
Mannose-6-phosphate isomerase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PMI2 PE=1 SV=1	Q9FZH5	39	49673	3 (1)	3 (1)
MATH domain and coiled-coil domain-containing protein At1g31400 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g31400 PE=2 SV=1	Q9C869	55	31638	2 (1)	2 (1)
Maturase K OS=Araucaria heterophylla GN=matK PE=3 SV=1	Q8MDT1	24	60885	5 (1)	4 (1)
Mechanosensitive ion channel protein 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=MSL6 PE=1 SV=1	Q9SYM1	28	97057	3 (1)	3 (1)
Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 34 OS=Arabidopsis thaliana GN=MED34 PE=1 SV=1	Q9FT73	22	80117	7 (1)	6 (1)
Mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37f OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37F PE=1 SV=2	Q39043	152	73801	5 (4)	4 (4)
Membrin-12 OS=Arabidopsis thaliana GN=MEMB12 PE=2 SV=1	Q9FK28	40	25146	1 (1)	1 (1)
Methionine aminopeptidase 1B, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=MAP1B PE=2 SV=2	Q9FV52	43	41026	2 (1)	2 (1)
Methyl-CpG-binding domain-containing protein 13 OS=Arabidopsis thaliana GN=MBD13 PE=2 SV=1	Q9LTJ8	23	83290	3 (1)	3 (1)

Methylcrotonoyl-CoA carboxylase subunit alpha, mitochondrial OS=Glycine max GN=MCCA PE=1 SV=2	Q42777	28	80855	5 (1)	4 (1)
Mevalonate kinase OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g27450 PE=2 SV=1	P46086	22	41017	2 (1)	2 (1)
Microtubule-associated protein 70-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MAP70.1 PE=1 SV=1	Q9C9X0	34	69419	7 (1)	7 (1)
Microtubule-associated protein 70-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=MAP70.4 PE=1 SV=1	Q9LQU7	24	67503	6 (1)	6 (1)
Microtubule-associated protein 70-5 OS=Arabidopsis thaliana GN=MAP70.5 PE=1 SV=1	Q8GYX3	21	58714	3 (1)	3 (1)
Mitochondrial arginine transporter BAC1 OS=Arabidopsis thaliana GN=BAC1 PE=1 SV=1	Q84UC7	22	34104	2 (1)	2 (1)
Mitochondrial import inner membrane translocase subunit TIM23-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=TIM23-3 PE=2 SV=1	Q9S837	21	20314	1 (1)	1 (1)
Mitochondrial outer membrane import complex protein METAXIN OS=Arabidopsis thaliana GN=MTX1 PE=1 SV=1	O64471	25	36002	3 (1)	3 (1)
Mitochondrial phosphate carrier protein 3, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=MPT3 PE=2 SV=1	Q9FMU6	28	40463	2 (1)	1 (1)
Mitogen-activated protein kinase 10 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MPK10 PE=2 SV=2	Q5ZC11	22	69813	4 (1)	3 (1)
Mitogen-activated protein kinase 6 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MPK6 PE=2 SV=1	Q336X9	41	43088	23 (5)	3 (1)
Mitogen-activated protein kinase 9 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=MPK9 PE=3 SV=2	Q6L5D4	25	79658	3 (1)	3 (1)
Mitogen-activated protein kinase kinase kinase ANP1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ANP1 PE=1 SV=2	O22040	23	74165	3 (1)	3 (1)
MLO-like protein 11 OS=Arabidopsis thaliana GN=MLO11 PE=2 SV=1	Q9FI00	21	66821	1 (1)	1 (1)
Molybdopterin synthase catalytic subunit OS=Arabidopsis thaliana GN=MOCS2 PE=2 SV=1	O22827	24	22487	2 (1)	2 (1)
Monodehydroascorbate reductase 1, peroxisomal OS=Arabidopsis thaliana GN=MDAR1 PE=1 SV=1	Q9LFA3	91	46629	3 (2)	3 (2)
Monodehydroascorbate reductase OS=Solanum lycopersicum GN=AFRR PE=1 SV=1	Q43497	38	47120	1 (1)	1 (1)
Monodehydroascorbate reductase, seedling isozyme OS=Cucumis sativus PE=2 SV=1	Q42711	76	47501	3 (1)	2 (1)
Multicystatin OS=Solanum tuberosum PE=1 SV=1	P37842	28	86731	3 (1)	3 (1)
Myosin-10 OS=Arabidopsis thaliana GN=XI-D PE=3 SV=1	F4IVR7	26	202452	8 (2)	8 (2)
Myosin-13 OS=Arabidopsis thaliana GN=XI-G PE=3 SV=1	F4IUG9	22	170563	6 (1)	4 (1)
Myosin-14 OS=Arabidopsis thaliana GN=XI-H PE=3 SV=1	F4JM19	29	173642	5 (1)	4 (1)
Myosin-17 OS=Arabidopsis thaliana GN=XI-K PE=1 SV=2	F4K5J1	42	174694	6 (1)	6 (1)
NAC domain-containing protein 89 OS=Arabidopsis thaliana GN=NAC089 PE=1 SV=1	Q94F58	25	38250	2 (1)	2 (1)
NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit 5, chloroplastic OS=Chlorokybus atmophyticus GN=ndhF PE=3 SV=2	Q19V60	21	73524	3 (1)	3 (1)
NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit H, chloroplastic OS=Huperzia lucidula GN=ndhH PE=3 SV=1	Q5SCZ3	27	45303	5 (1)	3 (1)
NAD(P)H-quinone oxidoreductase subunit K, chloroplastic OS=Nicotiana glauca GN=ndhK PE=3 SV=2	Q3C1J8	22	25741	2 (1)	2 (1)

NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g47890 PE=3 SV=1	Q9FIJ2	32	11015	1 (1)	1 (1)
NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 9, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g20360 PE=1 SV=2	Q9SK66	29	44022	3 (1)	2 (1)
NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 1, mitochondrial OS=Solanum tuberosum PE=2 SV=1	Q43644	25	80831	3 (1)	3 (1)
NADH dehydrogenase [ubiquinone] iron-sulfur protein 2 OS=Nicotiana glauca GN=NAD7 PE=2 SV=1	Q36450	34	44892	3 (1)	3 (1)
NADP-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase OS=Nicotiana glauca GN=GAPN PE=2 SV=1	P93338	56	53851	4 (3)	4 (3)
NADP-dependent malic enzyme 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=NADP-ME2 PE=1 SV=1	Q9LYG3	113	64771	4 (2)	4 (2)
NADP-dependent malic enzyme OS=Mesembryanthemum crystallinum GN=MOD1 PE=2 SV=1	P37223	76	64773	7 (4)	4 (3)
NADP-dependent malic enzyme, chloroplastic OS=Flaveria pringlei GN=MODA PE=2 SV=1	P36444	39	71444	5 (1)	2 (1)
Naringenin,2-oxoglutarate 3-dioxygenase OS=Malus domestica PE=2 SV=1	Q06942	34	41031	3 (1)	3 (1)
Nascent polypeptide-associated complex subunit alpha-like protein OS=Pinus taeda PE=2 SV=1	Q9M612	22	22452	1 (1)	1 (1)
Neutral ceramidase OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g38010 PE=3 SV=1	Q304B9	25	83782	2 (1)	2 (1)
Neutral/alkaline invertase 3, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=NIN3 PE=2 SV=1	Q6H6N5	26	68154	3 (1)	3 (1)
Nicotinamide adenine dinucleotide transporter 2, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=NDT2 PE=1 SV=1	Q8RWA5	24	39700	2 (1)	2 (1)
Non-specific lipid-transfer protein (Fragment) OS=Foeniculum vulgare PE=1 SV=1	B3EWP9	31	1185	3 (1)	2 (1)
Non-specific phospholipase C2 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPC2 PE=2 SV=1	O81020	32	57702	6 (1)	5 (1)
Non-specific phospholipase C4 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPC4 PE=1 SV=1	Q9SRQ7	23	61141	3 (1)	3 (1)
Non-specific phospholipase C6 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPC6 PE=2 SV=1	Q8H965	29	58102	1 (1)	1 (1)
Nuclear cap-binding protein subunit 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABH1 PE=1 SV=2	Q9SIU2	26	97171	2 (1)	2 (1)
Nuclear pore complex protein NUP1 OS=Arabidopsis thaliana GN=NUP1 PE=1 SV=1	Q9CAF4	24	135964	7 (1)	7 (1)
Nuclear transcription factor Y subunit A-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=NFYA2 PE=2 SV=1	Q9M9X4	22	32347	1 (1)	1 (1)
Nucleolin 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=NUCL2 PE=2 SV=1	Q1PEP5	21	69003	4 (1)	4 (1)
Nucleoside diphosphate kinase OS=Capsicum annuum PE=2 SV=1	Q9M7P6	124	16373	4 (3)	2 (2)
Obg-like ATPase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=YchF1 PE=1 SV=1	Q6Z1J6	42	44704	2 (1)	2 (1)
Ocs element-binding factor 1 OS=Zea mays GN=OBF1 PE=2 SV=2	P24068	35	16966	2 (1)	2 (1)
Oleosin-B2 (Fragment) OS=Brassica napus GN=OlnB2 PE=1 SV=1	P29526	25	18251	2 (1)	1 (1)
Outer envelope protein 80, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. indica GN=OEP80 PE=3 SV=1	A2X208	34	71758	21 (1)	1 (1)
Outer plastidial membrane protein porin OS=Pisum sativum GN=POR1 PE=1 SV=2	P42054	36	29579	2 (1)	2 (1)

Oxygen-evolving enhancer protein 1, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=PSBO PE=1 SV=1	P12359	34	35377	3 (2)	2 (2)
Oxygen-evolving enhancer protein 1-2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PSBO2 PE=1 SV=1	Q9S841	27	35226	3 (1)	3 (1)
Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic OS=Cucumis sativus GN=PSBP PE=2 SV=1	Q9SLQ8	38	28292	3 (2)	2 (1)
Oxygen-evolving enhancer protein 2-3, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum GN=PSBP3 PE=2 SV=1	Q04127	36	28837	2 (1)	2 (1)
Pachytene checkpoint protein 2 homolog OS=Oryza sativa subsp. indica GN=Osl_16324 PE=3 SV=2	A2XUN8	31	51773	1 (1)	1 (1)
Paired amphipathic helix protein Sin3-like 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=SNL6 PE=3 SV=2	Q9XIK6	30	135872	7 (1)	6 (1)
Patellin-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PATL2 PE=1 SV=2	Q56Z12	42	76019	3 (1)	3 (1)
Pathogenesis-related homeodomain protein OS=Arabidopsis thaliana GN=PRH PE=2 SV=1	P48785	22	91570	8 (1)	6 (1)
Pathogenesis-related protein 2 OS=Petroselinum crispum GN=PR2 PE=2 SV=1	P27538	34	16847	4 (2)	3 (1)
Pathogenesis-related protein R major form OS=Nicotiana tabacum PE=1 SV=1	P13046	184	25563	4 (3)	3 (2)
Pectinesterase 1 OS=Solanum lycopersicum GN=PME1.9 PE=1 SV=5	P14280	24	60483	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g03540 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E4 PE=2 SV=1	Q9LR69	24	68327	3 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g06140, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E61 PE=2 SV=1	Q9LND4	32	63421	3 (2)	3 (2)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g06145 OS=Arabidopsis thaliana GN=EMB1444 PE=2 SV=2	Q56X05	29	65711	6 (1)	5 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g07590, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g07590 PE=2 SV=1	Q940Q2	22	61266	5 (1)	5 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g12775, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g12775 PE=2 SV=1	Q9LPX2	28	73474	3 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g52620 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g52620 PE=2 SV=1	Q9SSR4	24	93583	4 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g62350 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g62350 PE=2 SV=1	Q1PFH7	21	23386	3 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g17525, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g17525 PE=2 SV=2	Q84VG6	21	71266	3 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g25580 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-H75 PE=2 SV=2	Q680H3	26	70660	3 (2)	3 (2)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g02490, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g02490 PE=2 SV=1	Q9M891	21	76228	3 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g18970 OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E93 PE=2 SV=1	Q9LJ69	29	53322	1 (1)	1 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g49240 OS=Arabidopsis thaliana GN=EMB1796 PE=2 SV=1	Q9M3A8	24	71703	6 (1)	5 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g53360, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PCMP-E86 PE=2 SV=1	Q9LF11	28	87158	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At3g56030 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g56030 PE=2 SV=2	Q9LY43	31	39975	2 (1)	2 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At4g04790, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g04790 PE=2 SV=2	Q6NQ81	23	93461	3 (1)	3 (1)
Pentatricopeptide repeat-containing protein At4g20090 OS=Arabidopsis thaliana GN=EMB1025 PE=3 SV=1	O49436	24	75671	5 (1)	4 (1)



Pentatricopeptide repeat-containing protein At4g39620, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=EMB2453 PE=2 SV=1	Q9SV96	28	65887	12 (1)	2 (1)
Peptide chain release factor PrfB2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PRFB2 PE=3 SV=1	F4I532	24	53679	1 (1)	1 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP19-3 PE=2 SV=2	Q38867	28	19136	2 (1)	2 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP20-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=CYP20-1 PE=1 SV=1	Q9SP02	34	22004	2 (1)	2 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP15-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=FKBP15-2 PE=2 SV=2	Q38936	29	17761	2 (1)	2 (1)
Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase OS=Allium cepa GN=CYP PE=2 SV=1	P34887	42	16251	2 (1)	2 (1)
Peroxidase 14 OS=Arabidopsis thaliana GN=PER14 PE=3 SV=1	Q9SI17	23	37751	1 (1)	1 (1)
Peroxidase 4 OS=Vitis vinifera GN=GSVIVT00023967001 PE=1 SV=1	A7NY33	140	34495	3 (3)	2 (2)
Peroxidase 53 OS=Arabidopsis thaliana GN=PER53 PE=1 SV=1	Q42578	62	35480	2 (1)	2 (1)
Peroxidase 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=PER9 PE=1 SV=1	Q96512	35	38173	3 (1)	2 (1)
Peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ACX1 PE=1 SV=1	O65202	29	74996	3 (1)	3 (1)
Peroxisomal adenine nucleotide carrier 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PNC2 PE=1 SV=1	Q8VZS0	22	35308	1 (1)	1 (1)
Peroxisome biogenesis protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=PEX5 PE=1 SV=1	Q9FMA3	23	81089	3 (1)	2 (1)
PGR5-like protein 1A, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PGRL1A PE=1 SV=1	Q8H112	23	36040	2 (1)	2 (1)
PHD finger protein ALFIN-LIKE 4 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=OsI_16049 PE=3 SV=1	A2XTW9	24	28909	1 (1)	1 (1)
Phenylalanine ammonia-lyase OS=Nicotiana tabacum GN=TPA1 PE=2 SV=1	P25872	22	78416	14 (1)	9 (1)
Phosphate transporter PHO1 homolog 10 OS=Arabidopsis thaliana GN=PHO1-H10 PE=2 SV=1	Q6R8G0	24	91224	3 (1)	2 (1)
Phosphate transporter PHO1-2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PHO1-2 PE=2 SV=1	Q6K991	42	91979	4 (2)	4 (2)
Phosphatidate phosphatase PAH2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PAH2 PE=1 SV=1	Q9FMN2	24	101725	2 (1)	2 (1)
Phosphatidylinositol 4-phosphate 5-kinase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PIP5K1 PE=1 SV=1	Q56YP2	22	86575	3 (1)	3 (1)
Phosphatidylinositol-3-phosphatase myotubularin-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MTM1 PE=1 SV=1	F4J3T8	24	94744	3 (1)	2 (1)
Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase 1, chloroplastic OS=Solanum lycopersicum PE=2 SV=1	P37215	22	57540	6 (1)	6 (1)
Phosphoenolpyruvate carboxykinase [ATP] OS=Zea mays PE=2 SV=1	Q9SLZ0	27	73781	4 (1)	4 (1)
Phosphoenolpyruvate carboxylase 2 OS=Sorghum bicolor PE=3 SV=1	P29194	54	110049	9 (3)	9 (3)
Phosphoenolpyruvate carboxylase, housekeeping isozyme OS=Glycine max GN=PPC16 PE=2 SV=1	Q02909	22	111073	10 (1)	10 (1)
Phosphoglucomutase, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=PGMP PE=2 SV=1	Q9SM59	105	68703	4 (2)	4 (2)
Phosphoglucomutase, cytoplasmic 2 OS=Zea mays PE=2 SV=2	P93805	62	63230	3 (1)	3 (1)



Phosphoglucomutase, cytoplasmic OS=Mesembryanthemum crystallinum GN=PGM1 PE=2 SV=1	P93262	72	63691	4 (2)	4 (2)
Phosphoglycerate kinase, chloroplastic OS=Nicotiana tabacum PE=2 SV=1	Q42961	206	50317	7 (5)	5 (4)
Phosphoglycerate kinase, cytosolic OS=Triticum aestivum PE=2 SV=1	P12783	199	42153	5 (3)	4 (3)
Phosphoinositide phospholipase C 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PLC2 PE=1 SV=1	Q39033	27	66480	2 (1)	2 (1)
Phosphoinositide phospholipase C 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=PLC4 PE=2 SV=2	Q944C1	30	68565	6 (1)	6 (1)
Phospholipase D alpha 1 OS=Nicotiana tabacum GN=PLD1 PE=2 SV=2	P93400	77	92365	7 (2)	6 (1)
Phospholipase D gamma 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PLDGAMMA3 PE=1 SV=1	Q9T052	35	97934	4 (1)	3 (1)
Phospholipid-transporting ATPase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=ALA2 PE=1 SV=1	P98205	28	126239	8 (1)	5 (1)
Phosphopantetheine adenylyltransferase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os07g0179400 PE=2 SV=1	Q6ZLC4	27	20083	2 (1)	2 (1)
Phosphoribosylformylglycinamide cyclo-ligase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PUR5 PE=1 SV=2	Q05728	34	41649	2 (1)	1 (1)
Phosphoribulokinase, chloroplastic OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=PRKA PE=1 SV=1	P19824	23	42151	3 (1)	2 (1)
Phosphoserine aminotransferase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PSAT1 PE=1 SV=1	Q96255	40	47785	3 (1)	3 (1)
Photosystem I assembly protein Ycf4 OS=Mesostigma viride GN=ycf4 PE=3 SV=1	Q9MUN8	27	21382	1 (1)	1 (1)
Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A2 OS=Oryza sativa GN=psaB PE=3 SV=1	P0C356	52	82622	3 (1)	3 (1)
Photosystem I reaction center subunit II, chloroplastic OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=psaD PE=1 SV=1	Q39615	123	21442	7 (2)	3 (1)
Photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=PSAF PE=1 SV=1	P12356	24	24213	1 (1)	1 (1)
Photosystem II CP43 reaction center protein OS=Cuscuta gronovii GN=psbC PE=3 SV=1	A7M8Z7	82	52145	5 (3)	4 (3)
Photosystem II CP47 reaction center protein OS=Aethionema cordifolium GN=psbB PE=3 SV=1	A4QJE1	174	56201	4 (3)	4 (3)
Photosystem II protein D1 OS=Chlamydomonas moewusii GN=psbA PE=3 SV=1	P09752	209	39235	5 (4)	3 (2)
Photosystem II reaction center protein H OS=Psilotum nudum GN=psbH PE=3 SV=3	Q8WHZ4	31	8133	4 (3)	2 (1)
Photosystem II reaction center protein T OS=Pelargonium hortorum GN=psbT PE=3 SV=1	Q06FP1	22	3831	1 (1)	1 (1)
Phytochrome 2 OS=Ceratodon purpureus GN=PHY2 PE=3 SV=1	Q39557	27	125358	4 (1)	4 (1)
Phytochrome E OS=Ipomoea nil GN=PHYE PE=2 SV=1	P55004	24	125732	3 (1)	3 (1)
Plasma membrane ATPase 4 OS=Nicotiana glauca GN=PMA4 PE=2 SV=1	Q03194	58	105635	5 (3)	4 (2)
Plastid 30S ribosomal protein S19 OS=Epifagus virginiana GN=rps19 PE=3 SV=1	P30062	21	10834	2 (1)	2 (1)
Plastid lipid-associated protein 1, chloroplastic OS=Brassica campestris GN=PAP1 PE=1 SV=1	Q94FZ9	21	35680	2 (1)	2 (1)
Plastidial pyruvate kinase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PKP2 PE=1 SV=1	Q9FLW9	26	63766	5 (1)	5 (1)

Plastidial pyruvate kinase 3, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=PKP3 PE=1 SV=1	Q93Z53	26	62917	3 (1)	3 (1)
Plastidic ATP/ADP-transporter OS=Solanum tuberosum PE=2 SV=2	O24381	23	69240	1 (1)	1 (1)
Pleiotropic drug resistance protein 2 OS=Nicotiana glauca GN=PDR2 PE=2 SV=1	Q2PCF1	28	166874	7 (1)	6 (1)
Pollen allergen Phl p 5b (Fragment) OS=Phleum pratense PE=1 SV=2	Q40963	26	28042	1 (1)	1 (1)
Poly [ADP-ribose] polymerase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PARP3 PE=2 SV=2	Q9FK91	22	92545	3 (1)	3 (1)
Polyadenylate-binding protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PAB2 PE=1 SV=1	P42731	26	68743	4 (1)	4 (1)
Polyadenylate-binding protein RBP47B OS=Arabidopsis thaliana GN=RBP47B PE=2 SV=1	Q0WW84	22	48260	1 (1)	1 (1)
Polyphenol oxidase A1, chloroplastic OS=Vicia faba PE=1 SV=1	Q06215	23	68954	1 (1)	1 (1)
Potassium channel KOR1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os06g0250600 PE=2 SV=1	Q653P0	26	98116	2 (1)	2 (1)
Potassium transporter 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=POT4 PE=1 SV=2	Q9LD18	22	88039	1 (1)	1 (1)
Potassium transporter 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=POT6 PE=2 SV=1	Q8W4I4	30	88115	2 (1)	2 (1)
Premnaspodiene oxygenase OS=Hyoscyamus muticus GN=CYP71D55 PE=1 SV=1	A6YIH8	26	57151	4 (1)	4 (1)
Pre-mRNA-splicing factor 38 OS=Arabidopsis thaliana GN=PRP38 PE=1 SV=1	Q8LB54	28	43317	2 (1)	2 (1)
Preprotein translocase subunit SECY, chloroplastic OS=Zea mays GN=SECY PE=2 SV=1	O63066	21	59602	3 (1)	3 (1)
Presequence protease 1, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=PREP1 PE=1 SV=2	Q9LJL3	50	121680	4 (1)	4 (1)
Probable 26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 3 OS=Nicotiana glauca GN=21D7 PE=2 SV=1	P93768	49	55827	4 (1)	4 (1)
Probable ADP-ribosylation factor GTPase-activating protein AGD13 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGD13 PE=2 SV=1	Q8LFN9	28	37598	1 (1)	1 (1)
Probable aldehyde dehydrogenase OS=Linum usitatissimum GN=FIS1 PE=2 SV=1	Q40255	24	61336	3 (1)	3 (1)
Probable aldo-keto reductase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os04g0337500 PE=2 SV=1	Q0JE32	71	38551	2 (1)	2 (1)
Probable aldo-keto reductase 2 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=Osl_15387 PE=3 SV=1	A2XRZ0	196	38437	7 (4)	6 (3)
Probable aldo-keto reductase 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g60730 PE=2 SV=1	Q9ASZ9	231	38233	8 (4)	6 (3)
Probable apyrase 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=APY3 PE=2 SV=2	Q2QYE1	24	49212	2 (1)	2 (1)
Probable calcium-binding protein CML13 OS=Arabidopsis thaliana GN=CML13 PE=2 SV=1	Q94AZ4	42	16506	2 (1)	2 (1)
Probable calcium-binding protein CML30 OS=Arabidopsis thaliana GN=CML30 PE=2 SV=1	Q9MBG5	21	22796	1 (1)	1 (1)
Probable carbohydrate esterase At4g34215 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g34215 PE=1 SV=2	Q8L9J9	22	28682	1 (1)	1 (1)
Probable carboxylesterase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CXE2 PE=2 SV=1	Q9SX78	27	35518	3 (1)	2 (1)
Probable copper-transporting ATPase HMA5 OS=Arabidopsis thaliana GN=HMA5 PE=1 SV=2	Q9SH30	22	109009	4 (1)	4 (1)

Probable disease resistance protein At5g45510 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g45510 PE=1 SV=2	Q8VZC7	21	139151	7 (1)	7 (1)
Probable disease resistance RPP8-like protein 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPP8L2 PE=3 SV=1	P0C8S1	22	104966	3 (1)	3 (1)
Probable E3 ubiquitin-protein ligase ARI12 OS=Arabidopsis thaliana GN=ARI12 PE=2 SV=2	Q84RQ9	22	57827	1 (1)	1 (1)
Probable folate-biopterin transporter 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g54860 PE=2 SV=1	Q8RWQ5	25	54190	1 (1)	1 (1)
Probable fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=FBA1 PE=1 SV=2	Q9SJU4	84	43075	3 (1)	3 (1)
Probable galacturonosyltransferase 15 OS=Arabidopsis thaliana GN=GAUT15 PE=2 SV=1	Q8L4B0	23	61152	1 (1)	1 (1)
Probable glycosyltransferase 6 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=GT6 PE=2 SV=1	Q2R2W8	22	53213	3 (1)	3 (1)
Probable histidine kinase 2 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=HK2 PE=3 SV=1	A2YA15	29	115798	4 (2)	3 (1)
Probable histone H2A.5 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=OsI_002060 PE=3 SV=1	A2WQG7	59	16391	3 (2)	2 (2)
Probable intracellular pathogenesis-related protein T1 OS=Catharanthus roseus GN=PCKR3 PE=1 SV=2	P93105	201	16983	12 (5)	1 (1)
Probable ion channel POLLUX OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g49960 PE=2 SV=1	Q9LTX4	26	93147	8 (1)	6 (1)
Probable lipid-A-disaccharide synthase, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=LPXB PE=2 SV=1	F4IF99	23	51888	1 (1)	1 (1)
Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g29720 OS=Arabidopsis thaliana GN=RFK1 PE=2 SV=3	Q9ASQ6	24	113832	1 (1)	1 (1)
Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase At1g74360 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g74360 PE=2 SV=1	C0LGJ1	25	122901	5 (1)	4 (1)
Probable LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase IRK OS=Arabidopsis thaliana GN=IRK PE=1 SV=1	Q9LY03	32	104815	4 (1)	4 (1)
Probable lysine-specific demethylase JMJ14 OS=Arabidopsis thaliana GN=JMJ14 PE=1 SV=1	Q8GUI6	26	109684	7 (1)	4 (1)
Probable mannan synthase 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=CSLA3 PE=2 SV=1	Q9LQC9	27	65158	2 (1)	2 (1)
Probable mannitol dehydrogenase OS=Mesembryanthemum crystallinum GN=ELI3 PE=2 SV=1	P93257	29	39556	4 (1)	4 (1)
Probable mannose-1-phosphate guanylyltransferase 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os03g0268400 PE=2 SV=1	Q84JH5	32	39628	4 (1)	4 (1)
Probable mediator of RNA polymerase II transcription subunit 37c OS=Arabidopsis thaliana GN=MED37C PE=1 SV=1	Q9LHA8	366	71456	13 (7)	9 (5)
Probable mitochondrial adenine nucleotide transporter BTL2 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g78180 PE=2 SV=1	Q9C9R4	22	46135	4 (1)	4 (1)
Probable mitochondrial-processing peptidase subunit beta OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g02090 PE=2 SV=2	Q42290	24	59180	6 (1)	5 (1)
Probable myosin-binding protein 4 OS=Arabidopsis thaliana GN=MYOB4 PE=3 SV=1	F4INW9	23	86290	3 (1)	3 (1)
Probable NADPH:quinone oxidoreductase 2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os01g0954000 PE=2 SV=1	Q941Y8	27	22073	1 (1)	1 (1)
Probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 12 OS=Arabidopsis thaliana GN=PME12 PE=2 SV=1	O48711	25	60835	1 (1)	1 (1)
Probable phosphoglucomutase, cytoplasmic 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g23190 PE=2 SV=2	O49299	24	63359	5 (1)	4 (1)
Probable phosphoinositide phosphatase SAC9 OS=Arabidopsis thaliana GN=SAC9 PE=1 SV=1	Q7XZU0	21	182002	5 (1)	4 (1)

Probable potassium transporter 16 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=HAK16 PE=2 SV=1	Q84MS3	21	92940	1 (1)	1 (1)
Probable protein phosphatase 2C 14 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g67820 PE=2 SV=2	Q9FXE4	29	49835	2 (1)	2 (1)
Probable protein phosphatase 2C 30 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os03g0268600 PE=2 SV=1	Q84JI0	28	44224	3 (1)	3 (1)
Probable protein phosphatase 2C 52 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os05g0587100 PE=2 SV=1	Q6L5C4	38	53001	3 (1)	3 (1)
Probable protein phosphatase 2C 65 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g01700 PE=2 SV=1	Q6NKS1	24	42890	2 (1)	2 (1)
Probable protein phosphatase 2C 72 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g26010 PE=2 SV=2	Q9XGZ9	25	37011	1 (1)	1 (1)
Probable protein phosphatase 2C 75 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=Os11g0417400 PE=2 SV=1	Q2R637	26	47822	1 (1)	1 (1)
Probable purine permease 13 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PUP13 PE=2 SV=1	Q8RY83	32	40568	3 (1)	2 (1)
Probable RNA-dependent RNA polymerase 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RDR4 PE=3 SV=2	O82189	21	105741	4 (1)	4 (1)
Probable S-adenosylmethionine carrier 2, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SAMC2 PE=2 SV=1	F4HT41	23	37258	1 (1)	1 (1)
Probable serine acetyltransferase 5 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=SAT5 PE=2 SV=2	Q0DGG8	25	36001	1 (1)	1 (1)
Probable serine/threonine protein kinase IREH1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=IREH1 PE=1 SV=1	F4J6F6	22	144672	6 (1)	5 (1)
Probable serine/threonine-protein kinase At4g35230 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At4g35230 PE=1 SV=1	Q944A7	23	57466	3 (1)	3 (1)
Probable sucrose-phosphate synthase 1 OS= <i>Craterostigma plantagineum</i> GN=SPS1 PE=2 SV=1	O04932	48	119743	5 (2)	5 (2)
Probable terpene synthase 2 OS= <i>Ricinus communis</i> GN=TPS2 PE=3 SV=1	B9SCB6	25	64038	4 (1)	3 (1)
Probable trehalose-phosphate phosphatase H OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TPPH PE=2 SV=1	Q8GWG2	28	40316	1 (1)	1 (1)
Probable tRNA (guanine(26)-N(2))-dimethyltransferase 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At5g15810 PE=2 SV=3	Q9LFU5	23	66487	1 (1)	1 (1)
Probable ureidoglycolate hydrolase OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=UAH PE=1 SV=2	Q2QMN7	28	51797	4 (1)	4 (1)
Probable WRKY transcription factor 54 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=WRKY54 PE=2 SV=2	Q93WU8	22	39077	1 (1)	1 (1)
Probable zinc transporter 8 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ZIP8 PE=2 SV=1	Q8S3W4	25	37800	3 (1)	2 (1)
Probably inactive leucine-rich repeat receptor-like protein kinase At3g28040 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At3g28040 PE=2 SV=1	Q9LRT1	29	112660	3 (1)	3 (1)
Profilin-1 OS= <i>Olea europaea</i> PE=1 SV=1	P0DKD0	54	14532	2 (1)	2 (1)
Profilin-6 OS= <i>Hevea brasiliensis</i> PE=1 SV=1	Q9LEI8	56	14112	2 (1)	2 (1)
Protease Do-like 7 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=DEGP7 PE=2 SV=1	Q8RY22	23	120543	3 (1)	3 (1)
Proteasome activator subunit 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PA200 PE=2 SV=2	F4JC97	21	204244	2 (1)	2 (1)
Proteasome subunit alpha type-1 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=PAF1 PE=2 SV=1	P52428	41	29897	3 (1)	2 (1)
Proteasome subunit alpha type-2 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>indica</i> GN=PAB1 PE=2 SV=2	A2YVR7	44	25828	3 (1)	3 (1)

Proteasome subunit alpha type-2-B OS=Arabidopsis thaliana GN=PAB2 PE=1 SV=1	Q8L4A7	43	25717	3 (1)	3 (1)
Proteasome subunit alpha type-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PAG1 PE=1 SV=2	Q23715	56	27645	3 (2)	2 (1)
Proteasome subunit alpha type-4 OS=Petunia hybrida GN=PAC1 PE=2 SV=1	O82530	67	27386	1 (1)	1 (1)
Proteasome subunit alpha type-4-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PAC1 PE=2 SV=1	P0C1G8	30	27198	3 (1)	3 (1)
Proteasome subunit alpha type-5 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PAE1 PE=2 SV=1	Q9LSU1	26	26148	1 (1)	1 (1)
Proteasome subunit alpha type-6 OS=Glycine max GN=PAA1 PE=2 SV=2	O48551	41	27489	1 (1)	1 (1)
Proteasome subunit alpha type-6-B OS=Arabidopsis thaliana GN=PAA2 PE=1 SV=1	O81147	55	27447	4 (1)	3 (1)
Proteasome subunit beta type-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PBF1 PE=2 SV=1	O64464	26	24608	1 (1)	1 (1)
Proteasome subunit beta type-3-A OS=Arabidopsis thaliana GN=PBC1 PE=1 SV=2	Q9XI05	47	23069	1 (1)	1 (1)
Protein ABERRANT POLLEN TRANSMISSION 1 OS=Zea mays GN=APT1 PE=2 SV=1	K7VLR4	36	293096	18 (5)	4 (1)
Protein arginine N-methyltransferase PRMT10 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=PRMT10 PE=3 SV=1	A2Y953	23	43076	2 (1)	1 (1)
Protein argonaute 10 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGO10 PE=2 SV=1	Q9XGW1	22	112165	4 (1)	4 (1)
Protein argonaute 13 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=AGO13 PE=2 SV=1	Q852N2	28	137465	5 (1)	4 (1)
Protein argonaute 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGO5 PE=1 SV=2	Q9SJK3	23	111817	3 (1)	3 (1)
Protein argonaute 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=AGO7 PE=2 SV=1	Q9C793	23	114465	2 (1)	2 (1)
Protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=BZR2 PE=1 SV=1	Q9LN63	21	36634	2 (1)	2 (1)
Protein BZR1 homolog 2 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=BZR2 PE=2 SV=1	Q0JPT4	23	38297	3 (1)	2 (1)
Protein CHLOROPLAST IMPORT APPARATUS 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=CIA2 PE=2 SV=1	Q9LU68	36	48494	3 (1)	3 (1)
Protein CHROMATIN REMODELING 20 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATRX PE=2 SV=2	F4HW51	22	169667	7 (1)	7 (1)
Protein CHROMATIN REMODELING 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=CHR5 PE=3 SV=1	F4IV99	29	197833	7 (1)	7 (1)
Protein CHUP1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=CHUP1 PE=1 SV=1	Q9LI74	33	111957	3 (1)	3 (1)
Protein disulfide isomerase-like 1-2 OS=Arabidopsis thaliana GN=PDIL1-2 PE=2 SV=1	Q9SRG3	24	56614	3 (1)	3 (1)
Protein disulfide isomerase-like 1-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PDIL1-3 PE=2 SV=1	Q8VX13	26	64400	2 (1)	2 (1)
Protein disulfide-isomerase OS=Datisca glomerata GN=PDI PE=2 SV=1	Q9XF61	23	57396	4 (1)	3 (1)
Protein EMBRYONIC FLOWER 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=EMF1 PE=1 SV=1	Q9LYD9	22	122850	5 (1)	5 (1)
Protein ETHYLENE INSENSITIVE 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=EIN3 PE=1 SV=1	O24606	27	72003	19 (1)	2 (1)
Protein GAMETE EXPRESSED 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=GEX3 PE=2 SV=1	Q9LFS2	28	73807	1 (1)	1 (1)

Protein kinase and PP2C-like domain-containing protein OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g40860/At2g40870 PE=2 SV=1	Q940A2	33	73605	2 (1)	2 (1)
Protein kinase APK1A, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=APK1A PE=2 SV=1	Q06548	22	45776	2 (1)	2 (1)
Protein LONGIFOLIA 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=LNG1 PE=1 SV=1	Q9LF24	26	104594	3 (1)	3 (1)
Protein MEI2-like 4 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ML4 PE=2 SV=1	Q64M78	25	110699	6 (1)	6 (1)
Protein MOR1 OS=Arabidopsis thaliana GN=MOR1 PE=1 SV=1	Q94FN2	25	219009	11 (1)	10 (1)
Protein NDR1 OS=Arabidopsis thaliana GN=NDR1 PE=1 SV=1	O48915	23	25000	2 (1)	2 (1)
Protein NEDD1 OS=Arabidopsis thaliana GN=NEDD1 PE=2 SV=1	B3H5K9	24	85160	2 (1)	2 (1)
Protein NETWORKED 1B OS=Arabidopsis thaliana GN=NET1B PE=2 SV=1	F4JIF4	36	197997	7 (2)	5 (1)
Protein NETWORKED 4A OS=Arabidopsis thaliana GN=NET4A PE=2 SV=1	F4KEW8	31	64311	3 (1)	3 (1)
Protein NLP1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=NLP1 PE=2 SV=1	Q10S83	23	105976	4 (1)	4 (1)
Protein NLP2 OS=Arabidopsis thaliana GN=NLP2 PE=2 SV=3	Q7X9B9	29	108181	8 (1)	6 (1)
Protein NRT1/ PTR FAMILY 1.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPF1.1 PE=1 SV=2	Q8LPL2	22	65690	3 (1)	3 (1)
Protein NRT1/ PTR FAMILY 2.8 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPF2.8 PE=2 SV=2	Q3E8X3	22	62302	2 (1)	2 (1)
Protein NRT1/ PTR FAMILY 3.1 OS=Arabidopsis thaliana GN=NPF3.1 PE=2 SV=1	Q9SX20	27	66513	3 (1)	3 (1)
Protein OSB2, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=OSB2 PE=1 SV=2	Q8GXH3	25	41761	1 (1)	1 (1)
Protein PHOTOPERIOD-INDEPENDENT EARLY FLOWERING 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=PIE1 PE=1 SV=1	Q7X9V2	27	235270	6 (1)	5 (1)
Protein POLLENLESS 3-LIKE 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g51280 PE=2 SV=1	Q9SD20	29	48403	3 (1)	3 (1)
Protein RALF-like 18 OS=Arabidopsis thaliana GN=RALFL18 PE=3 SV=1	O49320	27	11611	2 (1)	2 (1)
Protein RALF-like 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=RALFL8 PE=2 SV=1	Q1ECR9	22	9129	1 (1)	1 (1)
Protein RIK OS=Zea mays PE=1 SV=1	Q32SG5	28	65738	1 (1)	1 (1)
Protein ROOT HAIR DEFECTIVE 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RHD3 PE=1 SV=1	P93042	33	89606	5 (1)	4 (1)
Protein rough sheath 2 homolog OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RS2 PE=2 SV=1	Q94IB1	24	39359	3 (1)	2 (1)
Protein SIEVE ELEMENT OCCLUSION B OS=Arabidopsis thaliana GN=SEOB PE=1 SV=1	Q9SS87	29	85728	2 (1)	2 (1)
Protein SPIRAL1-like 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os12g0502000 PE=3 SV=1	Q2QQ99	23	10271	1 (1)	1 (1)
Protein STRUBBELIG-RECEPTOR FAMILY 6 OS=Arabidopsis thaliana GN=SRF6 PE=1 SV=1	Q9C8M9	25	78379	2 (1)	2 (1)
Protein SUPPRESSOR OF GENE SILENCING 3 OS=Solanum lycopersicum GN=SGS3 PE=1 SV=1	A5YVF1	22	72598	4 (1)	4 (1)
Protein TIC 214 OS=Cucumis sativus GN=TIC214 PE=3 SV=2	Q4VZL0	23	221705	11 (2)	11 (2)

Protein TIC 55, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=TIC55 PE=1 SV=1	Q9SK50	21	61310	3 (1)	3 (1)
Protein TIFY 10b OS=Oryza sativa subsp. indica GN=TIFY10B PE=3 SV=1	A2YNP2	21	25598	4 (1)	3 (1)
Protein TIFY 11B OS=Arabidopsis thaliana GN=TIFY11B PE=1 SV=1	Q9C9E3	26	29888	4 (1)	4 (1)
Protein TIFY 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=TIFY9 PE=1 SV=1	Q93ZM9	24	21800	2 (1)	2 (1)
Protein TPLATE OS=Arabidopsis thaliana GN=TPLATE PE=1 SV=1	F4J8D3	23	132251	4 (1)	4 (1)
Protein translocase subunit SecA, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=secA PE=2 SV=1	Q36795	25	117333	5 (1)	5 (1)
Protein transport protein SEC13 homolog B OS=Arabidopsis thaliana GN=SEC13B PE=1 SV=1	O64740	28	32907	4 (1)	3 (1)
Protein trichome birefringence OS=Arabidopsis thaliana GN=TBR PE=1 SV=1	Q9FG35	24	68396	3 (1)	3 (1)
Protein trichome birefringence-like 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=TBL1 PE=2 SV=1	Q9LHL6	27	63535	6 (1)	5 (1)
Protein XAP5 CIRCADIAN TIMEKEEPER OS=Arabidopsis thaliana GN=XCT PE=1 SV=1	Q8H110	24	39330	3 (1)	3 (1)
Protein Ycf2 OS=Drimys granadensis GN=ycf2-A PE=3 SV=1	Q06GT4	22	271000	10 (1)	10 (1)
Protein-ribulosamine 3-kinase, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g61080 PE=1 SV=2	Q9LEW8	23	36733	3 (1)	3 (1)
Protochlorophyllide reductase B, chloroplastic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=PORB PE=2 SV=1	Q8W3D9	33	42967	2 (2)	1 (1)
Protochlorophyllide reductase, chloroplastic OS=Cucumis sativus GN=PORA PE=2 SV=1	Q41249	36	43389	2 (1)	2 (1)
Provicilin (Fragment) OS=Pisum sativum PE=1 SV=1	P02854	24	46414	2 (1)	2 (1)
Prunasin beta-glucosidase 2B (Fragment) OS=Prunus serotina PE=1 SV=1	P29265	22	1635	1 (1)	1 (1)
Pumilio homolog 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=APUM1 PE=1 SV=1	Q9ZW07	52	107123	7 (1)	7 (1)
Pumilio homolog 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=APUM5 PE=1 SV=2	Q9LJX4	29	107384	2 (1)	2 (1)
Purple acid phosphatase OS=Glycine max GN=PAP PE=1 SV=2	Q09131	23	53165	1 (1)	1 (1)
Putative 3,4-dihydroxy-2-butanone kinase OS=Solanum lycopersicum GN=DHBK PE=2 SV=1	O04059	41	62161	1 (1)	1 (1)
Putative 30S ribosomal S2-like protein OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=rps2-2 PE=5 SV=1	Q8HUH1	23	24465	1 (1)	1 (1)
Putative 60S ribosomal protein L18-1 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPL18A PE=2 SV=3	O22254	57	21095	2 (1)	2 (1)
Putative ABC transporter B family member 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCB8 PE=5 SV=1	Q9LHK4	23	137710	9 (1)	9 (1)
Putative ABC transporter C family member 15 OS=Arabidopsis thaliana GN=ABCC15 PE=5 SV=2	Q7FB56	25	118203	3 (1)	2 (1)
Putative acid phosphatase PS18 (Fragment) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84734	24	1045	3 (1)	1 (1)
Putative aconitate hydratase, cytoplasmic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os08g0191100 PE=3 SV=1	Q6YZX6	108	98591	12 (5)	10 (4)
Putative acyl-activating enzyme 19 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g35930 PE=2 SV=1	F4K1G2	23	118028	5 (1)	5 (1)



Putative BTB/POZ domain-containing protein At3g49970 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g49970 PE=3 SV=1	Q9SN21	32	60457	2 (1)	2 (1)
Putative cyclic nucleotide-gated ion channel 13 OS=Arabidopsis thaliana GN=CNGC13 PE=3 SV=2	Q9LD40	28	81107	3 (2)	2 (1)
Putative cyclic nucleotide-gated ion channel 8 OS=Arabidopsis thaliana GN=CNGC8 PE=3 SV=2	Q9FXH6	36	86726	4 (1)	3 (1)
Putative cyclin-F1-1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=CYCF1-1 PE=3 SV=1	Q6K1Z1	23	40939	3 (1)	3 (1)
Putative cytochrome c oxidase subunit II PS17 (Fragments) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84733	36	1707	6 (3)	2 (1)
Putative defensin-like protein 119 OS=Arabidopsis thaliana GN=LCR53 PE=3 SV=1	P82767	24	8923	2 (1)	2 (1)
Putative disease resistance protein At3g15700 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g15700 PE=3 SV=1	Q9LW09	21	42667	2 (1)	2 (1)
Putative FBD-associated F-box protein At3g60710 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g60710 PE=3 SV=1	Q9LZZ2	23	36930	2 (1)	2 (1)
Putative FBD-associated F-box protein At5g56820 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g56820 PE=3 SV=2	Q9FJT1	22	51232	2 (1)	2 (1)
Putative F-box only protein 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=FBX9 PE=3 SV=1	Q9SI34	27	44935	1 (1)	1 (1)
Putative F-box protein At5g62660 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g62660 PE=3 SV=1	Q9LV12	28	43906	3 (1)	3 (1)
Putative F-box/FBD/LRR-repeat protein At1g66300 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g66300 PE=4 SV=1	Q9C8Y7	30	53329	3 (1)	3 (1)
Putative F-box/kelch-repeat protein At3g10510 OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g10510 PE=4 SV=1	Q9CAE9	24	42981	4 (1)	3 (1)
Putative F-box/kelch-repeat protein At4g39290 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g39290 PE=4 SV=1	Q9T035	21	42829	2 (1)	1 (1)
Putative F-box/kelch-repeat protein At4g39756 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g39756 PE=3 SV=1	P0C2F9	26	43763	3 (1)	2 (1)
Putative heat shock protein 2 (Fragment) OS=Pseudotsuga menziesii PE=1 SV=1	P85917	28	973	1 (1)	1 (1)
Putative indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.9 OS=Arabidopsis thaliana GN=GH3.9 PE=2 SV=1	O82243	23	67142	3 (1)	3 (1)
Putative ion channel POLLUX-like 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g02940 PE=2 SV=1	Q8VZM7	32	92763	2 (1)	2 (1)
Putative linoleate 9S-lipoxygenase 3 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os03g0700400 PE=3 SV=1	Q7G794	32	96305	6 (1)	6 (1)
Putative lipoxygenase 5 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os04g0447100 PE=3 SV=2	Q7XV13	23	100646	3 (1)	3 (1)
Putative LRR disease resistance protein/transmembrane receptor kinase PS4 (Fragment) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84720	32	870	4 (2)	1 (1)
Putative NAD(P)-dependent glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase PS5 (Fragments) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84721	30	4312	1 (1)	1 (1)
Putative pentatricopeptide repeat-containing protein At1g09680 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g09680 PE=3 SV=1	O04491	28	69358	2 (1)	2 (1)
Putative pentatricopeptide repeat-containing protein At1g12700, mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g12700 PE=3 SV=1	P0C7Q7	28	68559	4 (1)	4 (1)
Putative pentatricopeptide repeat-containing protein At1g13630 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g13630 PE=2 SV=3	Q9LMY5	30	95055	4 (1)	4 (1)
Putative pentatricopeptide repeat-containing protein At4g17915 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g17915 PE=3 SV=1	P0C043	21	53679	2 (1)	2 (1)
Putative phosphoglycerate kinase (Fragments) OS=Pinus strobus PE=1 SV=1	P84731	38	2858	1 (1)	1 (1)



Putative protein PHLOEM PROTEIN 2-LIKE A3 OS=Arabidopsis thaliana GN=PP2A3 PE=3 SV=1	O81025	28	52641	6 (1)	5 (1)
Putative protein TIC 214 C-terminal part OS=Marchantia polymorpha GN=TIC214 PE=5 SV=1	P12223	25	57301	3 (1)	2 (1)
Putative protein TIC 214 N-terminal part OS=Anthoceros formosae GN=TIC214 PE=5 SV=1	Q85B66	29	121287	3 (1)	3 (1)
Putative pumilio homolog 20 OS=Arabidopsis thaliana GN=APUM20 PE=5 SV=2	Q9XI17	38	38258	2 (1)	2 (1)
Putative respiratory burst oxidase homolog protein G OS=Arabidopsis thaliana GN=RBOHG PE=2 SV=2	Q9SW17	32	97427	2 (1)	1 (1)
Putative respiratory burst oxidase homolog protein J OS=Arabidopsis thaliana GN=RBOHJ PE=3 SV=2	Q9LZU9	23	103498	1 (1)	1 (1)
Putative serine/threonine-protein kinase-like protein CCR3 OS=Arabidopsis thaliana GN=CCR3 PE=2 SV=1	Q9LY50	24	89222	2 (1)	2 (1)
Putative SWI/SNF-related matrix-associated actin-dependent regulator of chromatin subfamily A member 3-like 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g43530 PE=3 SV=1	Q9FIY7	23	146009	4 (1)	4 (1)
Putative terpenoid synthase 7 OS=Arabidopsis thaliana GN=TPS07 PE=3 SV=2	O65434	23	70091	2 (1)	2 (1)
Putative white-brown complex homolog protein 30 OS=Arabidopsis thaliana GN=WBC30 PE=1 SV=3	Q9SJK6	23	122554	7 (1)	7 (1)
Pyrophosphate-energized vacuolar membrane proton pump OS=Hordeum vulgare PE=2 SV=2	Q06572	28	80108	3 (1)	3 (1)
Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha OS=Ricinus communis GN=PPF-ALPHA PE=3 SV=1	Q41140	63	68173	4 (2)	4 (2)
Pyruvate decarboxylase 1 OS=Zea mays GN=PDC1 PE=2 SV=1	P28516	47	66355	3 (1)	3 (1)
Pyruvate decarboxylase 2 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=PDC2 PE=2 SV=2	A2XF13	34	65889	4 (1)	4 (1)
Pyruvate decarboxylase 3 OS=Oryza sativa subsp. indica GN=PDC3 PE=3 SV=2	A2YQ76	23	63625	3 (1)	3 (1)
Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, mitochondrial OS=Solanum tuberosum PE=1 SV=1	P52903	37	43600	2 (1)	2 (1)
Pyruvate kinase 2, cytosolic OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os12g0145700 PE=2 SV=1	Q2QXR8	75	57862	7 (2)	6 (2)
Pyruvate kinase, cytosolic isozyme OS=Glycine max PE=2 SV=1	Q42806	43	55951	6 (1)	5 (1)
Rac-like GTP-binding protein RAC2 OS=Lotus japonicus GN=RAC2 PE=2 SV=1	Q40220	23	21918	1 (1)	1 (1)
Ras-related protein Rab11C OS=Nicotiana tabacum GN=RAB11C PE=2 SV=1	Q40520	65	24651	3 (1)	3 (1)
Ras-related protein Rab-2-A OS=Zea mays GN=RAB2A PE=2 SV=1	P49103	23	23215	2 (1)	2 (1)
Ras-related protein Rab7 OS=Pisum sativum PE=2 SV=1	P31022	40	23317	5 (2)	2 (1)
Ras-related protein RABB1c OS=Arabidopsis thaliana GN=RABB1C PE=1 SV=1	P92963	92	23378	3 (2)	2 (2)
Ras-related protein RABG3c OS=Arabidopsis thaliana GN=RABG3C PE=2 SV=1	Q9LW76	37	23294	3 (1)	3 (1)
Ras-related protein RGP1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=RGP1 PE=2 SV=2	P25766	40	25078	3 (1)	3 (1)
Ras-related protein RHN1 OS=Nicotiana plumbaginifolia GN=RHN1 PE=2 SV=1	P31583	35	21943	2 (1)	2 (1)
Receptor homology region, transmembrane domain- and RING domain-containing protein 1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os03g0167500 PE=2 SV=1	Q10R93	36	58100	3 (1)	3 (1)

Receptor-like protein kinase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RCH2 PE=1 SV=1	Q9LHP4	23	125737	3 (1)	3 (1)
Receptor-like protein kinase ANXUR1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ANX1 PE=2 SV=1	Q9SR05	26	94673	3 (1)	3 (1)
Receptor-like serine/threonine-protein kinase At4g25390 OS=Arabidopsis thaliana GN=At4g25390 PE=2 SV=1	Q9STJ8	27	72765	1 (1)	1 (1)
Regulatory-associated protein of TOR 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=RAPTOR2 PE=2 SV=2	Q9LZW9	31	149371	20 (1)	2 (1)
Respiratory burst oxidase homolog protein B OS=Solanum tuberosum GN=RBOHB PE=1 SV=1	Q948T9	22	99672	7 (1)	3 (1)
Reticulon-like protein B8 OS=Arabidopsis thaliana GN=RTNLB8 PE=2 SV=1	Q9SS37	22	28122	2 (1)	2 (1)
Retinoblastoma-related protein 2 OS=Zea mays GN=RBR2 PE=2 SV=1	Q8H0J6	27	97953	4 (1)	3 (1)
Retinoblastoma-related protein OS=Camellia sinensis GN=pRB PE=2 SV=1	Q2ABE5	23	114412	10 (1)	6 (1)
Retinoblastoma-related protein OS=Populus trichocarpa GN=RBL901 PE=3 SV=1	B9GLX8	26	115711	8 (1)	6 (1)
Ribosomal protein S14, mitochondrial OS=Prototheca wickerhamii GN=RPS14 PE=3 SV=1	P46752	25	12030	1 (1)	1 (1)
Ribosome-recycling factor, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=RRF PE=1 SV=1	P82231	27	30640	3 (1)	2 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase large chain OS=Digitalis purpurea GN=rbcL PE=3 SV=2	P28399	173	53470	7 (3)	5 (3)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain 3A/3C, chloroplastic OS=Solanum lycopersicum GN=RBCS-3A/3C PE=3 SV=1	P07180	22	20446	2 (1)	2 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain SSU40B, chloroplastic OS=Lemna gibba GN=SSU40B PE=3 SV=1	P19310	22	20146	1 (1)	1 (1)
Ribulose biphosphate carboxylase small chain, chloroplastic OS=Medicago sativa PE=2 SV=1	O65194	47	20466	4 (3)	3 (2)
Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase 1, chloroplastic OS=Larrea tridentata GN=RCA1 PE=1 SV=1	Q7X9A0	82	52450	3 (2)	3 (2)
Ribulose biphosphate carboxylase/oxygenase activase 2, chloroplastic OS=Larrea tridentata GN=RCA2 PE=2 SV=1	Q7X999	41	48251	4 (1)	3 (1)
RING-H2 finger protein ATL20 OS=Arabidopsis thaliana GN=ATL20 PE=2 SV=2	Q9C7E9	24	34445	2 (1)	2 (1)
RINT1-like protein MAG2L OS=Arabidopsis thaliana GN=MAG2L PE=2 SV=1	Q8GXP1	45	93206	26 (8)	2 (1)
RNA polymerase II C-terminal domain phosphatase-like 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=CPL1 PE=1 SV=1	Q5YDB6	22	109150	4 (1)	4 (1)
RNA polymerase II C-terminal domain phosphatase-like 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=CPL3 PE=1 SV=2	Q8LL04	34	136737	5 (1)	5 (1)
RNA polymerase sigma factor sigE, chloroplastic/mitochondrial OS=Arabidopsis thaliana GN=SIGE PE=1 SV=1	Q9ZNX9	24	58948	2 (1)	2 (1)
Root phototropism protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=RPT3 PE=1 SV=2	Q9FMF5	22	82562	5 (1)	5 (1)
Rubber elongation factor protein OS=Hevea brasiliensis PE=1 SV=2	P15252	77	14713	4 (2)	2 (1)
RuBisCO large subunit-binding protein subunit alpha (Fragment) OS=Ricinus communis PE=2 SV=1	P08824	55	52461	3 (2)	3 (2)
RuBisCO large subunit-binding protein subunit alpha, chloroplastic (Fragment) OS=Brassica napus PE=2 SV=2	P21239	94	57714	6 (3)	4 (2)
RuBisCO large subunit-binding protein subunit beta, chloroplastic OS=Pisum sativum PE=1 SV=2	P08927	32	63287	3 (1)	3 (1)

S-adenosylmethionine synthase 3 OS= <i>Vitis vinifera</i> GN=METK3 PE=3 SV=1	A7QJG1	24	43047	4 (1)	4 (1)
Sec1 family domain-containing protein MIP3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=MIP3 PE=1 SV=1	F4IP69	24	92273	2 (1)	2 (1)
Seed biotin-containing protein SBP65 OS= <i>Glycine max</i> GN=SBP65 PE=2 SV=1	Q39846	26	67894	4 (1)	4 (1)
Seed linoleate 9S-lipoxygenase-3 OS= <i>Glycine max</i> GN=LOX1.3 PE=1 SV=1	P09186	42	97097	2 (1)	1 (1)
Selenium-binding protein 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SBP1 PE=1 SV=1	O23264	22	54422	4 (1)	4 (1)
Selenocysteine Se-methyltransferase OS= <i>Brassica oleracea</i> var. <i>italica</i> GN=SMT PE=1 SV=1	Q4VVK0	27	38295	2 (1)	2 (1)
Serine carboxypeptidase-like 38 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SCPL38 PE=2 SV=1	Q9ZUG3	35	55209	1 (1)	1 (1)
Serine carboxypeptidase-like 50 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SCPL50 PE=2 SV=1	Q9M9Q6	37	49362	3 (1)	3 (1)
Serine hydroxymethyltransferase 2, mitochondrial OS= <i>Flaveria pringlei</i> PE=2 SV=1	P49358	35	57068	4 (2)	4 (2)
Serine hydroxymethyltransferase 4 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SHM4 PE=1 SV=1	O23254	72	52141	4 (2)	2 (1)
Serine/threonine-protein kinase Nek1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=NEK1 PE=2 SV=2	Q9SLI2	26	69591	4 (1)	4 (1)
Serine/threonine-protein kinase Nek2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=NEK2 PE=2 SV=1	Q9CAU7	23	68505	2 (1)	2 (1)
Serine/threonine-protein kinase SRK2A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SRK2A PE=1 SV=1	P43291	21	41485	4 (1)	4 (1)
Serine/threonine-protein kinase TIO OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TIO PE=1 SV=1	Q2QAV0	22	147203	2 (1)	2 (1)
Serine/threonine-protein phosphatase PP2A-5 catalytic subunit OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=PP2A5 PE=1 SV=1	O04951	21	35646	2 (1)	2 (1)
Serpin-ZX OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=At1g47710 PE=1 SV=1	Q9S7T8	61	42727	3 (1)	3 (1)
SF-assemblin OS= <i>Spermatozopsis similis</i> PE=1 SV=1	P55925	23	32114	5 (1)	3 (1)
Shaggy-related protein kinase alpha OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=ASK1 PE=1 SV=3	P43288	24	46519	4 (1)	4 (1)
Short-chain dehydrogenase reductase 3c OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SDR3c PE=3 SV=1	O80714	21	27413	3 (1)	3 (1)
Sialyltransferase-like protein 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SIA2 PE=2 SV=1	Q8RY00	24	50019	5 (2)	5 (2)
Small ribosomal subunit protein S13, mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPS13 PE=2 SV=1	Q9CA19	23	17432	1 (1)	1 (1)
Sodium/hydrogen exchanger 7 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=NHX7 PE=1 SV=1	Q9LKW9	24	127678	6 (1)	5 (1)
Solanesyl diphosphate synthase 3, chloroplastic/mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SPS3 PE=1 SV=1	Q5HZ00	26	46600	2 (1)	2 (1)
Sorting nexin 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SNX1 PE=1 SV=1	Q9FG38	25	46608	2 (1)	1 (1)
Sterol 3-beta-glucosyltransferase UGT80A2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=UGT80A2 PE=1 SV=1	Q9M8Z7	26	69633	2 (1)	2 (1)
Sterol methyltransferase-like 1 OS= <i>Botryococcus braunii</i> GN=SMT-1 PE=2 SV=1	H2E7T8	21	43713	2 (1)	2 (1)
Stomatal closure-related actin-binding protein 1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=SCAB1 PE=1 SV=1	O48791	30	55840	2 (1)	2 (1)

Stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic (Fragment) OS=Spinacia oleracea GN=CHSP70 PE=2 SV=1	Q08080	64	64918	4 (2)	2 (1)
Stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic OS=Pisum sativum GN=HSP70 PE=2 SV=1	Q02028	26	75583	3 (1)	3 (1)
Structural maintenance of chromosomes protein 3 OS=Arabidopsis thaliana GN=SMC3 PE=2 SV=1	Q56YN8	30	139856	8 (1)	7 (1)
Structural maintenance of chromosomes protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=SMC5 PE=2 SV=1	Q9LFS8	23	122221	6 (1)	6 (1)
Subtilisin-like protease SBT4.14 OS=Arabidopsis thaliana GN=SBT4.14 PE=2 SV=1	Q9LLL8	24	80906	2 (1)	2 (1)
Succinate dehydrogenase [ubiquinone] flavoprotein subunit, mitochondrial OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=SDH1 PE=1 SV=1	Q6ZDY8	51	69494	3 (1)	3 (1)
Sucrose synthase 1 OS=Hordeum vulgare GN=SS1 PE=1 SV=1	P31922	147	92495	11 (5)	6 (3)
Sucrose synthase OS=Solanum tuberosum PE=3 SV=1	P49039	107	92918	6 (5)	5 (4)
Sucrose transport protein SUC2 OS=Arabidopsis thaliana GN=SUC2 PE=1 SV=2	Q39231	23	54968	1 (1)	1 (1)
Sucrose-phosphatase 1 OS=Nicotiana tabacum GN=SPP1 PE=2 SV=1	Q5IH14	47	48361	3 (1)	3 (1)
Sucrose-phosphatase 2 OS=Nicotiana tabacum GN=SPP2 PE=2 SV=1	Q5IH13	61	48210	5 (4)	2 (1)
Sulfhydryl oxidase 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=QSOX1 PE=2 SV=1	Q8W4J3	21	61074	4 (1)	4 (1)
Sulfite reductase 1 [ferredoxin], chloroplastic OS=Nicotiana tabacum GN=SIR1 PE=1 SV=1	O82802	24	78370	1 (1)	1 (1)
SUMO-conjugating enzyme UBC9 OS=Arabidopsis thaliana GN=UBC9 PE=1 SV=1	P35132	38	16713	2 (1)	2 (1)
Superoxide dismutase [Cu-Zn] 1 OS=Brassica juncea GN=SODCC1 PE=2 SV=3	Q42611	48	15372	4 (1)	2 (1)
Synaptotagmin-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=SYT4 PE=2 SV=1	A0JJX5	23	63740	2 (1)	2 (1)
Syntaxin-123 OS=Arabidopsis thaliana GN=SYP123 PE=2 SV=1	Q9ZQZ8	22	34576	4 (1)	3 (1)
Syntaxin-125 OS=Arabidopsis thaliana GN=SYP125 PE=2 SV=1	Q9SXB0	21	33976	1 (1)	1 (1)
TATA-binding protein-associated factor BTAF1 OS=Arabidopsis thaliana GN=BTAF1 PE=1 SV=1	B5BT18	44	228850	6 (2)	6 (2)
Tbc2 translation factor, chloroplastic OS=Chlamydomonas reinhardtii GN=TBC2 PE=1 SV=1	Q8VXP3	24	115380	4 (1)	3 (1)
T-complex protein 1 subunit epsilon OS=Arabidopsis thaliana GN=CCT5 PE=1 SV=1	O04450	75	59860	7 (2)	7 (2)
Thaumatococcus-like protein OS=Actinidia deliciosa GN=tlp PE=1 SV=2	P81370	42	25175	3 (1)	3 (1)
Thiol protease aleurain-like OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g45310 PE=2 SV=1	Q8RWQ9	53	40030	2 (2)	1 (1)
Thioredoxin domain-containing protein PLP3A OS=Arabidopsis thaliana GN=PLP3A PE=1 SV=1	Q6NPL9	25	26417	1 (1)	1 (1)
Thioredoxin domain-containing protein PLP3B OS=Arabidopsis thaliana GN=PLP3B PE=2 SV=1	Q8LCV1	30	26522	3 (1)	1 (1)
Thioredoxin F1, chloroplastic OS=Arabidopsis thaliana GN=At3g02730 PE=1 SV=2	Q9XFH8	28	19655	1 (1)	1 (1)
Thioredoxin H1 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=TRXH PE=1 SV=1	Q0D840	21	13319	2 (1)	2 (1)

Thioredoxin H-type OS= <i>Ricinus communis</i> PE=3 SV=1	Q43636	24	13216	2 (1)	2 (1)
THO complex subunit 5A OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=THO5A PE=1 SV=1	F4HRC1	22	51951	2 (1)	2 (1)
Tocopherol O-methyltransferase, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=VTE4 PE=1 SV=2	Q9ZSK1	23	38450	2 (1)	2 (1)
Topless-related protein 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TPR2 PE=1 SV=2	Q9LRZ0	21	125593	6 (1)	5 (1)
Transcription factor bHLH129 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BHLH129 PE=2 SV=2	Q9ZW81	36	32469	2 (1)	2 (1)
Transcription factor bHLH36 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=BHLH36 PE=2 SV=1	Q9FLI1	30	20144	18 (5)	3 (2)
Transcription factor LAX PANICLE OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=LAX PE=1 SV=1	Q7X AQ6	22	23362	2 (1)	1 (1)
Transcription initiation factor TFIID subunit 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TAF2 PE=2 SV=1	Q8LPF0	24	157075	3 (1)	3 (1)
Transcription initiation factor TFIID subunit 6 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TAF6 PE=1 SV=1	Q9MAU3	29	61611	4 (1)	2 (1)
Transketolase, chloroplastic OS= <i>Zea mays</i> PE=1 SV=1	Q7SIC9	133	73347	4 (3)	3 (2)
Transketolase-2, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TKL-2 PE=1 SV=1	F4IW47	33	80385	5 (2)	5 (2)
Translation factor GUF1 homolog, mitochondrial OS= <i>Physcomitrella patens</i> subsp. <i>patens</i> GN=PHYPADRAFT_180825 PE=3 SV=1	A9S3D3	26	75814	1 (1)	1 (1)
Translation initiation factor IF-1, chloroplastic OS= <i>Antirrhinum majus</i> GN=infA PE=3 SV=1	P69041	34	9116	3 (2)	2 (1)
Translationally-controlled tumor protein homolog OS= <i>Solanum tuberosum</i> GN=TCTP PE=2 SV=2	P43349	46	18892	3 (1)	2 (1)
Triosephosphate isomerase, cytosolic OS= <i>Coptis japonica</i> PE=2 SV=1	P21820	61	27244	3 (1)	3 (1)
Tripeptidyl-peptidase 2 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TPP2 PE=1 SV=1	F4JVN6	93	153356	6 (1)	5 (1)
tRNA (guanine(37)-N1)-methyltransferase OS= <i>Sorghum bicolor</i> GN=Sb04g025390 PE=3 SV=1	C5XX79	33	53133	3 (1)	3 (1)
tRNA(adenine(34)) deaminase, chloroplastic OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TADA PE=1 SV=1	Q9S7I0	24	147729	7 (1)	6 (1)
Tropinone reductase 1 OS= <i>Datura stramonium</i> GN=TR1 PE=1 SV=1	P50162	21	29940	2 (1)	2 (1)
Tropinone reductase homolog OS= <i>Datura stramonium</i> PE=2 SV=1	P50165	24	29027	5 (2)	2 (1)
Tubby-like protein 8 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=TULP8 PE=2 SV=1	Q9S9M8	28	45030	2 (1)	1 (1)
Tubulin beta-1 chain OS= <i>Anemia phyllitidis</i> GN=TUBB1 PE=2 SV=1	P33630	76	50335	5 (1)	4 (1)
Two-component response regulator ORR23 OS= <i>Oryza sativa</i> subsp. <i>japonica</i> GN=RR23 PE=2 SV=1	Q6K8X6	28	75021	7 (1)	6 (1)
Two-component response regulator-like APRR3 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=APRR3 PE=1 SV=1	Q9LVG4	26	55708	2 (1)	2 (1)
Tyrosine--tRNA ligase, chloroplastic/mitochondrial OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=EMB2768 PE=2 SV=1	Q9M876	24	56925	2 (1)	1 (1)
Ubiquitin receptor RAD23d OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RAD23D PE=1 SV=2	Q84L30	57	40098	3 (1)	3 (1)
Ubiquitin-60S ribosomal protein L40-1 OS= <i>Arabidopsis thaliana</i> GN=RPL40A PE=1 SV=1	B9DHA6	60	14952	5 (2)	4 (2)

Ubiquitin-conjugating enzyme E2 27 OS=Arabidopsis thaliana GN=UBC27 PE=2 SV=1	Q9FI61	23	21469	2 (1)	2 (1)
Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C OS=Arabidopsis thaliana GN=UEV1C PE=1 SV=1	Q9SJ44	55	16584	2 (1)	2 (1)
U-box domain-containing protein 15 OS=Arabidopsis thaliana GN=PUB15 PE=2 SV=2	Q681N2	30	74363	4 (1)	3 (1)
U-box domain-containing protein 25 OS=Arabidopsis thaliana GN=PUB25 PE=2 SV=1	Q9LT79	34	46654	3 (1)	2 (1)
U-box domain-containing protein 32 OS=Arabidopsis thaliana GN=PUB32 PE=2 SV=1	Q94A51	22	92504	4 (1)	4 (1)
U-box domain-containing protein 41 OS=Arabidopsis thaliana GN=PUB41 PE=2 SV=1	Q0WUF6	22	60883	2 (1)	2 (1)
U-box domain-containing protein 45 OS=Arabidopsis thaliana GN=PUB45 PE=1 SV=1	Q9C7G1	37	87061	3 (1)	3 (1)
UDP-glucose 4-epimerase GEPI48 OS=Cyamopsis tetragonoloba PE=2 SV=1	O65781	22	38635	1 (1)	1 (1)
UDP-glucuronate:xylan alpha-glucuronosyltransferase 2 OS=Arabidopsis thaliana GN=GUX2 PE=2 SV=1	Q8GWW4	21	70755	1 (1)	1 (1)
UDP-glycosyltransferase 71B1 OS=Arabidopsis thaliana GN=UGT71B1 PE=2 SV=1	Q9LSY9	26	52975	2 (1)	2 (1)
UDP-glycosyltransferase 72B2 OS=Arabidopsis thaliana GN=UGT72B2 PE=2 SV=1	Q8W4C2	34	53038	2 (1)	1 (1)
UDP-glycosyltransferase 85C1 OS=Stevia rebaudiana GN=UGT85C1 PE=2 SV=1	Q6VAA4	24	55546	3 (1)	3 (1)
UDP-glycosyltransferase 88B1 OS=Stevia rebaudiana GN=UGT88B1 PE=2 SV=1	Q6VAA7	24	51097	5 (1)	5 (1)
UDP-sulfoquinovose synthase, chloroplastic OS=Spinacia oleracea GN=SQD1 PE=1 SV=1	Q84KI6	54	54347	1 (1)	1 (1)
UPF0392 protein At1g27200 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g27200 PE=2 SV=2	Q94K98	24	67117	5 (1)	3 (1)
UPF0496 protein At5g66675 OS=Arabidopsis thaliana GN=At5g66675 PE=2 SV=1	Q8GW16	22	46741	3 (1)	3 (1)
Uridine 5'-monophosphate synthase OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=UMPS2 PE=2 SV=1	Q8RZA1	32	51003	7 (1)	5 (1)
UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase OS=Solanum tuberosum PE=1 SV=3	P19595	93	52069	3 (2)	3 (2)
Vacuolar iron transporter homolog 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=At1g21140 PE=2 SV=1	Q9LPU9	22	21073	3 (1)	3 (1)
Vacuolar protein sorting-associated protein 32 homolog 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=VPS32.1 PE=1 SV=1	O82197	23	24056	3 (1)	2 (1)
Villin-3 OS=Arabidopsis thaliana GN=VLN3 PE=1 SV=2	O81645	29	106853	6 (1)	6 (1)
Villin-4 OS=Arabidopsis thaliana GN=VLN4 PE=1 SV=1	O65570	37	109829	4 (1)	3 (1)
V-type proton ATPase catalytic subunit A OS=Gossypium hirsutum GN=CVA69.24 PE=2 SV=1	P31405	228	68764	8 (4)	8 (4)
V-type proton ATPase subunit B 1 OS=Gossypium hirsutum PE=2 SV=1	Q43432	59	54286	2 (1)	2 (1)
V-type proton ATPase subunit B 2 OS=Hordeum vulgare PE=2 SV=1	Q40079	167	53806	7 (3)	5 (2)
V-type proton ATPase subunit B1 OS=Arabidopsis thaliana GN=VHA-B1 PE=2 SV=2	P11574	56	54188	4 (1)	4 (1)
V-type proton ATPase subunit E1 OS=Arabidopsis thaliana GN=VHA-E1 PE=1 SV=2	Q39258	40	26272	4 (2)	4 (2)

WPP domain-interacting protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=WIP1 PE=1 SV=1	Q8GXA4	21	54096	2 (1)	2 (1)
WUSCHEL-related homeobox 9 OS=Arabidopsis thaliana GN=WOX9 PE=2 SV=1	Q6X7J4	22	42234	1 (1)	1 (1)
Zinc finger CCCH domain-containing protein 20 OS=Arabidopsis thaliana GN=At2g19810 PE=2 SV=1	O82199	30	40561	2 (1)	1 (1)
Zinc finger CCCH domain-containing protein 32 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os04g0671800 PE=2 SV=1	Q0J952	23	80795	2 (1)	2 (1)
Zinc finger CCCH domain-containing protein 65 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os12g0278800 PE=2 SV=1	Q2QTY2	30	58125	1 (1)	1 (1)
Zinc finger CCCH domain-containing protein 66 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=Os12g0405100 PE=2 SV=1	Q2QT65	22	49544	1 (1)	1 (1)
Zinc finger protein 1 OS=Arabidopsis thaliana GN=ZFP1 PE=2 SV=1	Q42485	35	25566	2 (2)	1 (1)
Zinc-finger homeodomain protein 10 OS=Oryza sativa subsp. japonica GN=ZHD10 PE=3 SV=1	Q6Z528	21	37331	1 (1)	1 (1)
Zinc-finger homeodomain protein 5 OS=Arabidopsis thaliana GN=ZHD5 PE=1 SV=1	Q9FRL5	40	34327	2 (1)	2 (1)

**Anexo 7.** Proteínas exclusivas e comuns quanto à fotossíntese identificadas nos geis SDS-PAGE de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*.

<b>Proteínas exclusivas de calos</b>
Chlorophyll a-b binding protein 36, chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein L1818 Magnesium-chelatase subunit ChlH, chloroplastic (EC 6.6.1.1) Oxygen-evolving enhancer protein 3, chloroplastic Phosphoenolpyruvate carboxylase 4 (AtPPC4) (PEPC 4) (PEPCase 4) (EC 4.1.1.31) Phosphoenolpyruvate carboxylase (PEPC) (PEPCase) (EC 4.1.1.31) Photosystem I reaction center subunit IV A, chloroplastic
<b>Proteínas comuns em calos e folhas</b>
Chlorophyll a-b binding protein 1, chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein CP29.2, chloroplastic Ferredoxin--NADP reductase, leaf isozyme, chloroplastic (EC 1.18.1.2) Light-independent protochlorophyllide reductase subunit N (EC 1.3.7.7) Light-sensor Protein kinase (EC 2.7.11.1)] Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic Peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase (EC 1.1.3.15) Phosphoenolpyruvate carboxylase (EC 4.1.1.31) Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A1 (EC 1.97.1.12) Photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic Photosystem I reaction center subunit N, chloroplastic Photosystem II 10 kDa polypeptide, chloroplastic
<b>Proteínas comuns em calos e galhos</b>
Isopentenyl-diphosphate Delta-isomerase II (EC 5.3.3.2)
<b>Proteínas exclusivas em folhas</b>
Phosphoenolpyruvate carboxylase 3 (EC 4.1.1.31) Phosphoenolpyruvate carboxylase 2 (EC 4.1.1.31) Phytochrome A Phytochrome Peroxisomal (S)-2-hydroxy-acid oxidase GLO1 (EC 1.1.3.15) (S)-2-hydroxy-acid oxidase GLO2 (EC 1.1.3.15) Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit 1, chloroplastic (EC 1.10.9.1) Photosystem I reaction center subunit II-1, chloroplastic Photosystem I reaction center subunit II-2, chloroplastic Photosystem I reaction center subunit IV, chloroplastic Photosystem I reaction center subunit psaK, chloroplastic Photosystem I reaction center subunit VI, chloroplastic Photosystem II 22 kDa protein, chloroplastic Pyrophosphate--fructose 6-phosphate 1-phosphotransferase subunit alpha 2 Pyruvate, phosphate dikinase, chloroplastic (EC 2.7.9.1) Cytochrome b6 Chlorophyll a-b binding protein 215, chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein 22L, chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein AB80, chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein type 2 member 1A, chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein CP29.1, chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein 2, chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein 3A, chloroplastic (Fragments) Protochlorophyllide reductase C, chloroplastic (EC 1.3.1.33)
<b>Proteínas comuns em folhas e galhos</b>
Photosystem II reaction center protein H Chlorophyll a-b binding protein of LHCII type I, chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein, chloroplastic Protochlorophyllide reductase B, chloroplastic (EC 1.3.1.33) Protochlorophyllide reductase, chloroplastic (EC 1.3.1.33)
<b>Proteínas exclusivas em galhos</b>



Phosphoenolpyruvate carboxylase 2 (EC 4.1.1.31) Geranylgeranyl diphosphate reductase, chloroplastic (EC 1.3.1.83) Light-independent protochlorophyllide reductase iron-sulfur ATP-binding protein (EC 1.3.7.7) Chlorophyll a-b binding protein CP26, chloroplastic Oxygen-evolving enhancer protein 1-2, chloroplastic Ferredoxin--NADP reductase, chloroplastic (EC 1.18.1.2) Oxygen-evolving enhancer protein 2, chloroplastic Oxygen-evolving enhancer protein 2-3, chloroplastic Photosystem I reaction center subunit III, chloroplastic Photosystem II reaction center protein T (PSII-T) PGR5-like protein 1A, chloroplastic Chlorophyll a-b binding protein 13, chloroplastic
<b>Proteínas comuns em calos, folhas e galhos</b>
Cytochrome b6-f complex iron-sulfur subunit, chloroplastic (EC 1.10.9.1) Cytochrome f Oxygen-evolving enhancer protein 1, chloroplastic Phosphoenolpyruvate carboxylase, housekeeping isozyme (EC 4.1.1.31) Photosystem I assembly protein Ycf4 Photosystem I P700 chlorophyll a apoprotein A2 (EC 1.97.1.12) Photosystem I reaction center subunit II, chloroplastic

**Anexo 8.** Proteínas exclusivas e comuns quanto à glicólise identificadas nos geis SDS-PAGE de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*.

<b>Proteínas exclusivas de calos</b>
Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component 4 of pyruvate dehydrogenase complex, chloroplastic (EC 2.3.1.12)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase (EC 1.2.1.12)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic (EC 1.2.1.12)
Hexokinase-9 (EC 2.7.1.1)
Methylthioalkylmalate synthase 3, chloroplastic (EC 2.3.3.17)
Phosphoglucomutase, cytoplasmic 1 (EC 5.4.2.2)
Plastidial pyruvate kinase 4, chloroplastic (EC 2.7.1.40)
Probable monogalactosyldiacylglycerol synthase 2, chloroplastic (EC 2.4.1.46)
Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha-3, chloroplastic (EC 1.2.4.1)
UDP-N-acetylglucosamine diphosphorylase 1 (EC 2.7.7.23)
<b>Proteínas comuns em calos e folhas</b>
Enolase 2 (EC 4.2.1.11)
Xyloglucan galactosyltransferase MUR3 (EC 2.4.1.-)
<b>Proteínas comuns em calos e galhos</b>
Dihydrolipoyllysine-residue acetyltransferase component 2 of pyruvate dehydrogenase complex, mitochondrial (EC 2.3.1.12)
Enolase (EC 4.2.1.11)
Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme 2 (EC 4.1.2.13)
Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic 1A (EC 5.3.1.9)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B, chloroplastic (EC 1.2.1.13)
Phosphoglycerate kinase, chloroplastic (EC 2.7.2.3)
Pyruvate dehydrogenase E1 component subunit alpha, mitochondrial (EC 1.2.4.1)
Pyruvate kinase 2, cytosolic (EC 2.7.1.40)
<b>Proteínas exclusivas em folhas</b>
Beta-1,3-galactosyltransferase GALT1 (EC 2.4.1.-)
Beta-glucosidase 24 (EC 3.2.1.21)
Beta-glucosidase 27 (EC 3.2.1.21)
Beta-glucosidase 6 (EC 3.2.1.21)
Fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic (EC 4.1.2.13) (Fragment)
Fructose-bisphosphate aldolase 1, cytoplasmic (EC 4.1.2.13)
Fructose-bisphosphate aldolase 2, chloroplastic (EC 4.1.2.13)
Fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic (EC 4.1.2.13)
Glucose-1-phosphate adenylyltransferase small subunit, chloroplastic (EC 2.7.7.27)
Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic 1 (EC 5.3.1.9)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 1, cytosolic (EC 1.2.1.12)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic (EC 1.2.1.13) (Fragment)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase B, chloroplastic (EC 1.2.1.13) (Fragment)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPA1, chloroplastic (EC 1.2.1.13)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPB, chloroplastic (EC 1.2.1.13)
Hexokinase-10 (EC 2.7.1.1)
Hydroxyproline O-galactosyltransferase GALT2 (EC 2.4.1.-)
Isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)
Malate dehydrogenase, glyoxysomal (EC 1.1.1.37)
Malate synthase, glyoxysomal (EC 2.3.3.9)
Phosphoglycerate kinase 1, chloroplastic (EC 2.7.2.3)
Phosphoglycerate kinase, chloroplastic (EC 2.7.2.3) (Fragment)
Probable phosphoglucomutase, cytoplasmic 2 (EC 5.4.2.2)
Putative beta-glucosidase 17 (Os4bglu17) (EC 3.2.1.21)
Putative beta-glucosidase 9 (Os4bglu9) (EC 3.2.1.21)
UDP-N-acetylglucosamine diphosphorylase 2 (EC 2.7.7.23)
<b>Proteínas comuns em folhas e galhos</b>
Fructose-1,6-bisphosphatase, cytosolic (EC 3.1.3.11)
Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme (EC 4.1.2.13)

<p>Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic (EC 1.2.1.12)  Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase, cytosolic (EC 1.2.1.12) (Fragment)  Phosphoglucomutase, chloroplastic (EC 5.4.2.2)  Sterol 3-beta-glucosyltransferase UGT80A2 (EC 2.4.1.173)</p>
<p><b>Proteínas exclusivas em galhos</b></p> <p>1,4-alpha-glucan-branching enzyme 2, chloroplastic/amyloplastic (EC 2.4.1.18)  6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 1 (EC 1.1.1.44)  Aconitate hydratase, cytoplasmic (EC 4.2.1.3)  Alpha-L-fucosidase 1 (EC 3.2.1.51)  ATP-dependent 6-phosphofructokinase 7 (EC 2.7.1.11)  Beta-glucosidase 20 (Os5bglu20) (EC 3.2.1.21)  Fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic (AtFBA1) (EC 4.1.2.13)  Fructose-bisphosphate aldolase, chloroplastic (EC 4.1.2.13)  Fructose-bisphosphate aldolase, cytoplasmic isozyme 1 (EC 4.1.2.13)  Glucose-1-phosphate adenyltransferase small subunit 2, chloroplastic (EC 2.7.7.27)  Glucose-6-phosphate 1-dehydrogenase, cytoplasmic isoform 2 (EC 1.1.1.49)  Phosphoenolpyruvate carboxykinase (EC 4.1.1.49)  Phosphoglucomutase, cytoplasmic 2 (EC 5.4.2.2)  Putative aconitate hydratase, cytoplasmic (Aconitase) (EC 4.2.1.3)  Sialyltransferase-like protein 2 (EC 2.4.-.-)</p>
<p><b>Proteínas comuns em calos, folhas e galhos</b></p> <p>2,3-bisphosphoglycerate-independent phosphoglycerate mutase (EC 5.4.2.12)  Enolase 1 (EC 4.2.1.11)  Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 2, cytosolic (EC 1.2.1.12) (Fragment)  Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase A, chloroplastic (EC 1.2.1.13)  Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPCP2, chloroplastic (EC 1.2.1.12)  Phosphoglucomutase, cytoplasmic (PGM) (EC 5.4.2.2)  Phosphoglycerate kinase, cytosolic (EC 2.7.2.3)  Pyruvate kinase, cytosolic isozyme (EC 2.7.1.40)  Triosephosphate isomerase, cytosolic (Triose-phosphate isomerase) (EC 5.3.1.1)  UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase (EC 2.7.7.9)</p>

**Anexo 9.** Proteínas exclusivas e comuns quanto ao estresse e defesa identificadas nos geis SDS-PAGE de calos, folhas e galhos de *D. macrophylla*.

<b>Proteínas exclusivas de calos</b>
14-3-3 protein 6
14-3-3-like protein
14-3-3-like protein B
20 kDa chaperonin, chloroplastic
23.5 kDa heat shock protein, mitochondrial
23.6 kDa heat shock protein, mitochondrial
26S proteasome non-ATPase regulatory subunit 14 homolog (EC 3.4.19.-)
ABC transporter G family member 11
ABC transporter G family member 24
ABC transporter G family member 36
ABC transporter G family member 38
ABC transporter G family member 40
ABC transporter I family member 21
Aconitate hydratase 3, mitochondrial
Alanine--tRNA ligase (EC 6.1.1.7)
Alpha-glucan water dikinase 1, chloroplastic (EC 2.7.9.4)
ATPase 4, plasma membrane-type (EC 3.6.3.6)
Beta-glucosidase 4 (AtBGLU4) (EC 3.2.1.21)
Brefeldin A-inhibited guanine nucleotide-exchange protein 5
Carboxylesterase SOBER1 (EC 3.1.1.-)
Chaperone protein ClpB2, chloroplastic
Chaperone protein ClpC2, chloroplastic
Chaperone protein dnaJ 2
Cinnamyl alcohol dehydrogenase 7 (EC 1.1.1.195)
Coproporphyrinogen-III oxidase 1, chloroplastic (EC 1.3.3.3)
Cysteine-rich receptor-like protein kinase 5 (EC 2.7.11.-)
Disease resistance protein RPS6
Disease resistance protein TAO1
Disease resistance response protein Pi176
DNA polymerase zeta catalytic subunit (EC 2.7.7.7)
DNA-directed RNA polymerases IV and V subunit 2 (EC 2.7.7.6)
E3 ubiquitin-protein ligase PRT6 (EC 2.3.2.27)
E3 ubiquitin-protein ligase XB3 (EC 2.3.2.27)
Elicitor peptide 3
Enolase 1, chloroplastic (EC 4.2.1.11)
Fructose-bisphosphate aldolase 1, chloroplastic (EC 4.1.2.13)
Fructose-bisphosphate aldolase 2, chloroplastic (EC 4.1.2.13)
Fructose-bisphosphate aldolase 3, chloroplastic (EC 4.1.2.13)
Glucomannan 4-beta-mannosyltransferase 9 (EC 2.4.1.32)
Glutamate--glyoxylate aminotransferase 1 (EC 2.6.1.4) (EC 2.6.1.44)
Glutamine synthetase, chloroplastic/mitochondrial (EC 6.3.1.2)
Glutamyl-tRNA reductase 2, chloroplastic (EC 1.2.1.70)
Glutathione gamma-glutamylcysteinyltransferase 1 (EC 2.3.2.15)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase 3, cytosolic (EC 1.2.1.12)
Glyceraldehyde-3-phosphate dehydrogenase GAPA1, chloroplastic (EC 1.2.1.13)
Heat shock 70 kDa protein 7, chloroplastic
Indole-3-acetic acid-amido synthetase GH3.5 (EC 6.3.2.-)
Indoleacetaldoxime dehydratase (EC 4.99.1.6)
L-ascorbate peroxidase S, chloroplastic/mitochondrial (EC 1.11.1.11)
L-type lectin-domain containing receptor kinase IX.2 (EC 2.7.11.1)
Malate dehydrogenase 1, mitochondrial (EC 1.1.1.37)
Mitogen-activated protein kinase kinase kinase NPK1 (EC 2.7.11.25)
Nectarin-1 (EC 1.15.1.1)

Nematode resistance protein-like HSPRO1  
Neutral peroxidase (EC 1.11.1.7)  
Nicotianamine synthase 1 (EC 2.5.1.43)  
Non-symbiotic hemoglobin 1  
Nuclear pore complex protein  
Nucleoside diphosphate kinase 1 (EC 2.7.4.6)  
Peroxidase 13 (EC 1.11.1.7)  
Peroxidase 68 (EC 1.11.1.7)  
Peroxidase N1 (EC 1.11.1.7)  
Peroxisomal acyl-coenzyme A oxidase 1 (EC 1.3.3.6)  
Peroxisome biogenesis protein 5  
Persulfide dioxygenase ETHE1 homolog, mitochondrial (EC 1.13.11.18)  
Phosphoglycerate kinase 1, chloroplastic (EC 2.7.2.3)  
Poly(ADP-ribose) glycohydrolase 1 (EC 3.2.1.143)  
Polyadenylate-binding protein-interacting protein 4  
Probable disease resistance protein At1g58390  
Probable disease resistance protein At5g45440  
Probable disease resistance protein RDL5  
Probable L-ascorbate peroxidase 8, chloroplastic (EC 1.11.1.11)  
Probable peroxidase 26 (EC 1.11.1.7)  
Probable WRKY transcription factor 17  
Proteasome subunit alpha type-4 (EC 3.4.25.1)  
Proteasome subunit alpha type-5 (EC 3.4.25.1)  
Proteasome subunit alpha type-6 (EC 3.4.25.1)  
Proteasome subunit beta type-1 (EC 3.4.25.1)  
Proteasome subunit beta type-6 (EC 3.4.25.1)  
Proteasome subunit beta type-7-B (EC 3.4.25.1)  
Protein disulfide isomerase-like 2-2 (EC 5.3.4.1)  
Protein disulfide-isomerase (EC 5.3.4.1)  
Protein ENHANCED DOWNY MILDEW 2  
Protein MICRORCHIDIA 4 (EC 3.6.-.-)  
Putative disease resistance protein At4g11170  
Putative inactive cysteine synthase 2  
Putative late blight resistance protein homolog R1C-3  
Serine/threonine-protein kinase AGC1-5 (EC 2.7.11.1)  
Serine/threonine-protein kinase ATM (EC 2.7.11.1)  
Serine/threonine-protein kinase ATR (EC 2.7.11.1)  
Serine/threonine-protein kinase BR11-like 2 (EC 2.7.11.1)  
Serine/threonine-protein kinase Nek6 (EC 2.7.11.1)  
Serine/threonine-protein kinase TOR (EC 2.7.11.1)  
Serine/threonine-protein phosphatase PP1 (EC 3.1.3.16)  
Serine/threonine-protein phosphatase PP2A catalytic subunit (EC 3.1.3.16)  
Squamosa promoter-binding-like protein 14  
Sucrose nonfermenting 4-like protein  
Sucrose synthase (EC 2.4.1.13)  
Sucrose synthase 1 (EC 2.4.1.13)  
Sucrose synthase 2 (EC 2.4.1.13)  
Sucrose synthase 4 (EC 2.4.1.13)  
Sucrose-phosphatase 1 (EC 3.1.3.24)  
Sucrose-phosphatase 2 (EC 3.1.3.24)  
T-complex protein 1 subunit beta  
T-complex protein 1 subunit delta  
T-complex protein 1 subunit eta  
T-complex protein 1 subunit theta  
Trihelix transcription factor GTL1  
Two-component response regulator ARR2  
U1 small nuclear ribonucleoprotein 70 kDa  
Ubiquitin receptor RAD23d  
Ubiquitin-60S ribosomal protein L40-1  
Ubiquitin-conjugating enzyme E2 35 (EC 2.3.2.23)

<p>Ubiquitin-conjugating enzyme E2 36 (EC 2.3.2.23)  Ubiquitin-conjugating enzyme E2 5B (EC 2.3.2.23)  Ubiquitin-conjugating enzyme E2 variant 1C  Ubiquitin-NEDD8-like protein RUB1  UDP-sugar pyrophosphorylase (EC 2.7.7.64)  Wound-induced protein (Fragment)  Zinc finger AN1 domain-containing stress-associated protein 14  Zinc finger CCCH domain-containing protein 66  Zinc finger protein 1  Zinc finger protein ZAT10  Alcohol dehydrogenase class-3 (EC 1.1.1.1)  Aldehyde dehydrogenase (EC 1.2.1.3)  Aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 (EC 1.2.1.3)  Alcohol dehydrogenase (EC 1.1.1.1)</p>
<b>Proteínas comuns em calos e folhas</b>
<p>18.5 kDa class I heat shock protein  6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 2, chloroplastic (EC 1.1.1.44)  ABC transporter G family member 25  Chaperone protein ClpB3, chloroplastic  Dihydropyrimidine dehydrogenase (NADP(+)), chloroplastic (EC 1.3.1.2)  Heat shock 70 kDa protein  Heat shock protein 90-5, chloroplastic  Histidine kinase 4 (EC 2.7.13.3)  Hsp70-Hsp90 organizing protein 1  Lipoxygenase 2, chloroplastic (EC 1.13.11.12)  Probable aminotransferase TAT3 (EC 2.6.1.-)  Putative disease resistance protein At4g10780  Sedoheptulose-1,7-bisphosphatase, chloroplastic (EC 3.1.3.37)  Succinate--CoA ligase [ADP-forming] subunit beta, mitochondrial (EC 6.2.1.5)  Superoxide dismutase [Cu-Zn] (EC 1.15.1.1)  Superoxide dismutase [Cu-Zn] 2 (EC 1.15.1.1)  Superoxide dismutase [Fe], chloroplastic (EC 1.15.1.1) (Fragment)  U2 small nuclear ribonucleoprotein A'  Alcohol dehydrogenase 2 (EC 1.1.1.1)</p>
<b>Proteínas comuns em calos e galhos</b>
<p>14-3-3-like protein GF14 kappa  17.3 kDa class II heat shock protein  3-isopropylmalate dehydratase large subunit, chloroplastic (EC 4.2.1.33)  Alanine aminotransferase 2, mitochondrial (EC 2.6.1.2)  Cell division control protein 48 homolog A  Chaperonin CPN60, mitochondrial  Chaperonin CPN60-1, mitochondrial  Cytosolic isocitrate dehydrogenase [NADP] (EC 1.1.1.42)  Dihydrolipoyl dehydrogenase 1, mitochondrial (EC 1.8.1.4)  Dihydroxy-acid dehydratase, chloroplastic (EC 4.2.1.9)  Glyoxylate/succinic semialdehyde reductase 1 (EC 1.1.1.79)  Heat shock 70 kDa protein, mitochondrial  Histone H4  L-ascorbate peroxidase, cytosolic (EC 1.11.1.11)  Peroxidase 9 (EC 1.11.1.7)  Proteasome subunit alpha type-2-B (EC 3.4.25.1)</p>
<b>Proteínas exclusivas em folhas</b>
<p>14-3-3 protein 1  14-3-3-like protein GF14 epsilon  14-3-3-like protein GF14 lambda  16.9 kDa class I heat shock protein 1  18.2 kDa class I heat shock protein  18.8 kDa class II heat shock protein  3-isopropylmalate dehydrogenase 1, chloroplastic (EC 1.1.1.85)  4-coumarate--CoA ligase-like 1 (EC 6.2.1.-)</p>

4-hydroxy-3-methylbut-2-en-1-yl diphosphate synthase (ferredoxin), chloroplastic (EC 1.17.7.1)  
AAA-ATPase At3g28600 (EC 3.6.1.3)  
ABC transporter B family member 19  
ABC transporter F family member 5  
Acetyl-CoA carboxylase 1 (EC 6.4.1.2)  
Acid beta-fructofuranosidase 4, vacuolar (EC 3.2.1.26)  
Aconitate hydratase 1 (EC 4.2.1.3)  
ACT domain-containing protein ACR11  
Adenylosuccinate synthetase, chloroplastic (EC 6.3.4.4)  
Arcelin-1  
Auxin efflux carrier component 2  
Auxin efflux carrier component 3  
Auxin-responsive protein IAA17  
Auxin-responsive protein IAA32  
BAG family molecular chaperone regulator 4  
BAG family molecular chaperone regulator 5, mitochondrial  
Beta-amylase 5 (EC 3.2.1.2)  
Catalase-1 (EC 1.11.1.6)  
Cationic peroxidase SPC4 (EC 1.11.1.7)  
CBS domain-containing protein CBSX3, mitochondrial  
Cell division cycle 5-like protein  
Cellulose synthase A catalytic subunit 1 [UDP-forming] (EC 2.4.1.12)  
Cellulose synthase-like protein D4 (EC 2.4.1.-)  
Chaperone protein ClpC, chloroplastic  
Chaperone protein ClpC1, chloroplastic  
Chaperone protein dnaJ 13  
Chaperonin 60 subunit beta 2, chloroplastic  
Cyclic nucleotide-gated ion channel 2  
Cysteine synthase, chloroplastic/chromoplastic (EC 2.5.1.47)  
Cysteine-rich receptor-like protein kinase 17 (EC 2.7.11.-)  
Cytochrome c oxidase subunit 6b-1  
Cytosolic sulfotransferase 15 (EC 2.8.2.-)  
Disease resistance protein LAZ5  
Disease resistance-like protein CSA1  
DNA ligase 4 (EC 6.5.1.1)  
DNA-directed RNA polymerase V subunit 1 (EC 2.7.7.6)  
DnaJ homolog subfamily C GRV2  
E3 ubiquitin-protein ligase KEG (EC 2.3.2.27)  
Elongation factor G-2, mitochondrial  
Endochitinase (EC 3.2.1.14)  
Endoplasmin homolog  
Ethylene-responsive transcription factor ERF053  
F-box protein CPR30  
Glucan endo-1,3-beta-glucosidase, basic isoform (EC 3.2.1.39)  
Glucose-6-phosphate isomerase, cytosolic (EC 5.3.1.9)  
Glutamate synthase 1 [NADH], chloroplastic (EC 1.4.1.14)  
Glutathione S-transferase U20 (EC 2.5.1.18)  
Glycine-rich RNA-binding protein blt801  
Heat shock 70 kDa protein 6, chloroplastic  
Heat shock cognate protein 80  
Heat shock protein 83  
Heat shock protein 90-3  
Homeobox-leucine zipper protein ATHB-52  
Immune-associated nucleotide-binding protein 8  
Inactive protein RESTRICTED TEV MOVEMENT 2  
Isoleucine--tRNA ligase, cytoplasmic (EC 6.1.1.5)  
L-ascorbate peroxidase 1, cytosolic (EC 1.11.1.11)  
Long chain acyl-CoA synthetase 6, peroxisomal (EC 6.2.1.3)  
Low-temperature-induced 65 kDa protein  
Lysine-specific demethylase JMJ705 (EC 1.14.11.-)

Mechanosensitive ion channel protein 10  
 Mechanosensitive ion channel protein 4  
 Membrane protein of ER body-like protein  
 Methylthioribose-1-phosphate isomerase (EC 5.3.1.23)  
 Mitogen-activated protein kinase kinase kinase 9 (EC 2.7.11.24)  
 Mitogen-activated protein kinase kinase kinase ANP1 (EC 2.7.11.25)  
 Monofunctional pimaradiene synthase (EC 4.2.3.147)  
 Multiprotein-bridging factor 1c  
 NADPH-dependent alkenal/one oxidoreductase, chloroplastic (EC 1.3.1.-)  
 Ninja-family protein AFP4 (ABI five-binding protein 4)  
 Pentatricopeptide repeat-containing protein At2g37230  
 Peroxidase 2 (EC 1.11.1.7) (Fragment)  
 Phenylalanine ammonia-lyase 2 (EC 4.3.1.24)  
 Phospholipase D gamma 2 (EC 3.1.4.4)  
 Poly [ADP-ribose] polymerase 1 (EC 2.4.2.30)  
 Polyadenylate-binding protein RBP47B'  
 Presequence protease 1, chloroplastic/mitochondrial (EC 3.4.24.-)  
 Probable disease resistance protein RPP1  
 Probable elongation factor 1-gamma 2  
 Probable glucan endo-1,3-beta-glucosidase BG5 (EC 3.2.1.39)  
 Probable lactoylglutathione lyase, chloroplastic (EC 4.4.1.5)  
 Probable polyribonucleotide nucleotidyltransferase 1, chloroplastic (EC 2.7.7.8)  
 Probable ribose-5-phosphate isomerase 3, chloroplastic (EC 5.3.1.6)  
 Protein BTR1  
 Protein EDS1B  
 Protein NINJA homolog 1  
 Protein phosphatase 2C 56 (EC 3.1.3.16)  
 Protein RETICULATA-RELATED 3, chloroplastic  
 Protein ROS1 (EC 3.2.2.-)  
 Protein-tyrosine-phosphatase MKP1 (EC 3.1.3.48)  
 Putative chaperone protein ClpB2, chloroplastic  
 Putative heat shock protein 2 (Fragment)  
 Putative myrosinase 6 (EC 3.2.1.147)  
 Regulatory protein NPR3  
 Regulatory-associated protein of TOR 1  
 Regulatory-associated protein of TOR 2  
 S-(+)-linalool synthase, chloroplastic (EC 4.2.3.25)  
 Serine/threonine-protein kinase OXI1 (EC 2.7.11.1)  
 Serpin-Z1  
 S-formylglutathione hydrolase (EC 3.1.2.12)  
 Small heat shock protein, chloroplastic  
 SPX domain-containing protein 2  
 T-complex protein 1 subunit gamma  
 T-complex protein 1 subunit zeta 2  
 Thiamine thiazole synthase, chloroplastic  
 Thioredoxin-like protein CITRX, chloroplastic (EC 1.8.-.-)  
 Thylakoid lumenal 29 kDa protein, chloroplastic (EC 1.-.-.-)  
 Transcription factor MYC4  
 Transketolase-1, chloroplastic (EC 2.2.1.1)  
 Transketolase-2, chloroplastic (EC 2.2.1.1)  
 Trihelix transcription factor ASR3  
 TSK-associating protein 1  
 Tubulin beta-5 chain (Beta-5-tubulin)  
 Two pore calcium channel protein 1B  
 UPF0496 protein At3g28270  
 UTP--glucose-1-phosphate uridylyltransferase 2 (EC 2.7.7.9)  
 Vicilin-like antimicrobial peptides 2-3  
 Antimicrobial peptide 2c-2  
 Aldo-keto reductase family 4 member C10 (EC 1.1.1.-)  
 Proteínas comuns em folhas e galhos



17.6 kDa class I heat shock protein 3  
 5-methyltetrahydropteroyltriglutamate--homocysteine methyltransferase 2 (EC 2.1.1.14)  
 Aldehyde dehydrogenase family 2 member B4, mitochondrial (EC 1.2.1.3)  
 Anthocyanidin 3-O-glucoside 2''-O-xylosyltransferase (EC 2.4.2.51)  
 Basic form of pathogenesis-related protein 1  
 Beta-glucosidase 4 (EC 3.2.1.21)  
 Betaine aldehyde dehydrogenase 1 (EC 1.2.1.8)  
 Carbamoyl-phosphate synthase large chain, chloroplastic (EC 6.3.5.5)  
 Catalase isozyme 3 (EC 1.11.1.6)  
 Disease resistance protein At4g27190  
 Disease resistance protein RPM1 (Resistance to *Pseudomonas syringae* protein 3)  
 DNA repair protein REV1 (EC 2.7.7.-)  
 E3 ubiquitin-protein ligase BRE1-like 1 (EC 2.3.2.27)  
 Heat shock 70 kDa protein 3  
 Heat shock protein 90-1  
 Hypersensitive-induced response protein 1  
 Inactive poly [ADP-ribose] polymerase RCD1  
 Leucine aminopeptidase 1 (EC 3.4.11.1)  
 LL-diaminopimelate aminotransferase, chloroplastic (EC 2.6.1.83)  
 NADP-dependent malic enzyme 2 (EC 1.1.1.40)  
 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase CYP19-3 (EC 5.2.1.8)  
 Peroxidase 4 (EC 1.11.1.7)  
 Probable E3 ubiquitin-protein ligase ARI12 (EC 2.3.2.-)  
 Probable pectinesterase/pectinesterase inhibitor 12 (EC 3.1.1.11)  
 Probable phosphoglucomutase, cytoplasmic 1 (EC 5.4.2.2)  
 Protein argonaute 7  
 Superoxide dismutase [Cu-Zn] 1 (EC 1.15.1.1)  
 Aldehyde dehydrogenase family 2 member B7, mitochondrial (EC 1.2.1.3)

#### Proteínas exclusivas em galhos

Pumilio homolog 5  
 1,4-alpha-glucan-branching enzyme 2-1, chloroplastic/amyloplastic (EC 2.4.1.18)  
 14-3-3-like protein GF14 phi  
 17.5 kDa class I heat shock protein (HSP 17.5-M)  
 17.6 kDa class I heat shock protein  
 18.1 kDa class I heat shock protein (Fragment)  
 26.5 kDa heat shock protein, mitochondrial  
 40S ribosomal protein S12-1  
 4-substituted benzoates-glutamate ligase GH3.12 (EC 6.3.2.-)  
 5'-adenylylsulfate reductase-like 4  
 60S ribosomal protein L23a-1  
 6-phosphogluconate dehydrogenase, decarboxylating 2, chloroplastic (EC 1.1.1.44)  
 ABC transporter G family member 38  
 ABC transporter G family member 48 (OsABCG48)  
 ABC transporter G family member 52 (OsABCG52)  
 Acetolactate synthase 2, chloroplastic (EC 2.2.1.6)  
 ACT domain-containing protein ACR8  
 Alpha-glucan phosphorylase 1 (EC 2.4.1.1)  
 Alpha-glucan phosphorylase 2, cytosolic (AtPHS2) (EC 2.4.1.1)  
 Arogenate dehydratase 4, chloroplastic (AtADT4) (EC 4.2.1.91)  
 Aspartate carbamoyltransferase, chloroplastic (EC 2.1.3.2)  
 Auxin response factor 16  
 Catalase isozyme 1 (EC 1.11.1.6)  
 Cellulose synthase-like protein D2 (EC 2.4.1.-)  
 Cellulose synthase-like protein D3 (EC 2.4.1.-)  
 Chaperonin 60 subunit beta 1, chloroplastic  
 Chitinase 5 (EC 3.2.1.14)  
 Chloroplast envelope membrane 70 kDa heat shock-related protein  
 Class I heat shock protein (Fragment)  
 Cullin-1  
 Cyanate hydratase (Cyanase) (EC 4.2.1.104)

Cysteine proteinase inhibitor 4  
 Cysteine-rich receptor-like protein kinase 11 (EC 2.7.11.-)  
 Delta-1-pyrroline-5-carboxylate synthase A (EC 2.7.2.11)  
 Dihomomethionine N-hydroxylase (EC 1.14.14.42) (Cytochrome P450 79F1)  
 Disease resistance protein RFL1  
 Disease resistance protein RRS1  
 DNA repair and recombination protein RAD54 (EC 3.6.4.-)  
 DNA repair protein recA homolog 1, chloroplastic  
 DnaJ protein homolog ANJ1  
 Elongation factor Tu, mitochondrial  
 Endochitinase A (EC 3.2.1.14) (Seed chitinase A)  
 Ethylene-responsive transcription factor 2  
 Fumarate hydratase 1, mitochondrial (Fumarase 1) (EC 4.2.1.2)  
 Galactolipid galactosyltransferase SFR2, chloroplastic (EC 2.4.1.184)  
 G-box-binding factor 2  
 GDSL esterase/lipase LTL1 (EC 3.1.1.-)  
 Glutamate decarboxylase 1 (GAD 1) (EC 4.1.1.15)  
 Glutamate dehydrogenase 1 (GDH 1) (EC 1.4.1.3)  
 Glutathione S-transferase F2 (AtGSTF2) (EC 2.5.1.18)  
 Heat shock cognate 70 kDa protein 2  
 Hypersensitive-induced response protein 4  
 Lactoylglutathione lyase (EC 4.4.1.5)  
 L-ascorbate peroxidase T, chloroplastic (EC 1.11.1.11)  
 Light-induced protein, chloroplastic (Drought-induced stress protein CDSP-34)  
 LRR receptor-like serine/threonine-protein kinase FLS2 (EC 2.7.11.1)  
 Malate dehydrogenase [NADP], chloroplastic (EC 1.1.1.82) (NADP-MDH)  
 Malate dehydrogenase 1, cytoplasmic (EC 1.1.1.37)  
 Mannose-6-phosphate isomerase 2 (EC 5.3.1.8)  
 MLO-like protein 11  
 NADH dehydrogenase [ubiquinone] 1 alpha subcomplex subunit 9, mitochondrial  
 Obg-like ATPase 1 (EC 3.6.5.-)  
 Pathogenesis-related homeodomain protein  
 Pathogenesis-related protein R major form (Thaumatococcus-like protein E22)  
 Pentatricopeptide repeat-containing protein At1g07590, mitochondrial  
 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase (EC 5.2.1.8)  
 Peptidyl-prolyl cis-trans isomerase FKBP15-2 (EC 5.2.1.8)  
 Peroxidase 14 (Atperox P14) (EC 1.11.1.7)  
 Phosphate transporter PHO1-2  
 Phosphatidylinositol-3-phosphatase myotubularin-1 (EC 3.1.3.95)  
 Phospho-2-dehydro-3-deoxyheptonate aldolase 1, chloroplastic (EC 2.5.1.54)  
 Phosphopantetheine adenyltransferase 1 (EC 2.7.7.3)  
 Phosphoribulokinase, chloroplastic (EC 2.7.1.19)  
 Phosphoserine aminotransferase 1, chloroplastic (EC 2.6.1.52)  
 Plastidial pyruvate kinase 2 (PKp2) (EC 2.7.1.40)  
 Polyadenylate-binding protein 2 (PABP-2)  
 Polyadenylate-binding protein RBP47B  
 Probable disease resistance protein At5g45510  
 Probable disease resistance RPP8-like protein 2  
 Probable serine/threonine-protein kinase At4g35230 (EC 2.7.11.1)  
 Probable serine/threonine-protein kinase PBL9 (EC 2.7.11.1)  
 Proteasome subunit alpha type-3 (EC 3.4.25.1) (Proteasome component 8)  
 Protein argonaute 10  
 Protein argonaute 5  
 Protein BRASSINAZOLE-RESISTANT 2  
 Protein disulfide isomerase-like 1-2 (EC 5.3.4.1)  
 Protein ETHYLENE INSENSITIVE 3  
 Protein NDR1 (Non-race specific disease resistance protein 1)  
 Protein PHOTOPERIOD-INDEPENDENT EARLY FLOWERING 1 (EC 3.6.4.12)  
 Protein SUPPRESSOR OF GENE SILENCING 3  
 Protein TIFY 11B

Protein TIFY 9  
 Putative defensin-like protein 119  
 Putative disease resistance protein At3g15700  
 RNA polymerase II C-terminal domain phosphatase-like 1 (EC 3.1.3.16)  
 RNA polymerase sigma factor sigE, chloroplastic/mitochondrial  
 Selenium-binding protein 1  
 Selenocysteine Se-methyltransferase (BoSMT) (EC 2.1.1.280)  
 Shaggy-related protein kinase alpha (EC 2.7.11.1)  
 Stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic  
 Stromal 70 kDa heat shock-related protein, chloroplastic (Fragment)  
 Sulfhydryl oxidase 1 (EC 1.8.3.2)  
 T-complex protein 1 subunit epsilon  
 Thioredoxin F1, chloroplastic  
 Thioredoxin H1  
 U-box domain-containing protein 25 (EC 2.3.2.27)  
 Zinc-finger homeodomain protein 5 (AtZHD5)  
 Short-chain dehydrogenase reductase 3c (EC 1.1.1.-)  
 Aldehyde dehydrogenase family 7 member A1 (EC 1.2.1.3)

**Proteínas comuns em calos, folhas e galhos**

10 kDa chaperonin, mitochondrial  
 14-3-3-like protein GF14 mu  
 ADP,ATP carrier protein, mitochondrial  
 Catalase (EC 1.11.1.6)  
 Catalase isozyme 1 (EC 1.11.1.6) (Fragment)  
 Catalase isozyme 2 (EC 1.11.1.6)  
 Catalase-2 (EC 1.11.1.6)  
 Catalase-3 (EC 1.11.1.6)  
 Chaperone protein ClpB1  
 Cysteine proteinase inhibitor 2  
 Disease resistance protein RPP4  
 Glycine--tRNA ligase, mitochondrial 1 (EC 6.1.1.14)  
 Pathogenesis-related protein 2  
 Peroxidase 53 (EC 1.11.1.7)  
 Probable intracellular pathogenesis-related protein T1  
 Protein disulfide isomerase-like 1-3 (EC 5.3.4.1)  
 Putative LRR disease resistance protein/transmembrane receptor kinase PS4 (Fragment)  
 Serine hydroxymethyltransferase 4 (EC 2.1.2.1)  
 Thaumatin-like protein (allergen Act d 2)  
 Thiol protease aleurain-like (EC 3.4.22.16)  
 Alcohol dehydrogenase 1 (EC 1.1.1.1)