

# IDENTIFICAÇÃO *IN SILICO* DE *LOCI* GÊNICOS NÃO-CARACTERIZADOS DE MILHO QUE ESTAVAM DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS DURANTE A INTERAÇÃO DE *AZOSPIRILLUM* COM MILHO NA PRESENÇA DE UM INIBIDOR DA SÍNTESE DO ÁCIDO INDOL-3- ACÉTICO (AIA).

Almeida, Adrielli Marina de <sup>1</sup>

Rauber, Rafael <sup>2</sup>

Espindula, Eliandro<sup>3</sup>

## RESUMO

A partir do sequenciamento completo do genoma de *Arabidopsis thaliana*, em meados dos anos 2000, esta planta se tornou a planta-modelo em estudos genéticos de angiospermas. A bioinformática tem sido, ao longo dos últimos anos, uma grande aliada nos estudos biológicos. Ela correlaciona conhecimentos em diferentes áreas do conhecimento com o intuito de decifrar o código genético contido nas biomoléculas pelo estabelecimento de modelos lógico-matemático e estatísticos. Bancos de dados de informações biológicas estão cada vez mais crescentes, entre suas aplicações descritas na literatura, destaca-se a busca pela identificação de *LOCI* diferencialmente expressos. O surgimento do sequenciamento tem transformado várias áreas da pesquisa biológica, incluindo a agricultura. Atualmente, a busca por formas de cultivo que sejam menos impactantes ao meio ambiente têm se destacado. Nesse contexto, as bactérias promotoras de crescimento vegetal (BPCVs) têm surgido como alternativa importante para aumento de produção sem aumentar o uso de adubos. Dentre as relações planta bactéria mais estudadas, está a associação entre milho e *Azospirillum ssp.* Os estudos moleculares de como essa relação ocorre podem ajudar a potencializar essa relação. Dessa forma, a identificação de genes de milho que respondem à bactéria é importante para melhor compreender essa relação. Este trabalho teve como objetivo geral identificar e caracterizar *loci* não – caracterizados que se encontravam diferencialmente expressos durante a interação da bactéria promotora de crescimento vegetal *Azospirillum brasilense* com milho (*Zea mays*) durante a inibição da produção de ácido indol acético pela planta. Com esse intuito foi realizada a comparação das sequências de milho com os genomas de *Arabidopsis thaliana* e *Oryza sativa* depositadas em bancos de dados genéticos públicos de plantas. A partir dessa comparação foi possível identificar vários genes de milho, dentre eles destacamos a Proteína do tipo ubiquitinase, Proteína induzida por auxina 5NG4 (putativa), Proteínas “MAPK”, Proteína fosfatase 2C, (putativa) e a Proteína relacionada à Ciclina (putativa).

**Palavras-Chave:** Fitormônios, *Zea mays*, bactérias promotoras de crescimento vegetal, Biotecnologia, Bioinformática.

---

1. Acadêmica de graduação de Ciências Biológicas, bacharelado do centro universitário FAG. amalmeida2@minha.fag.edu.br

2. Orientador. Doutor em Genética e Biologia Molecular, UFRGS. Docente do curso de Ciências Biológicas do Centro Universitário FAG. rafaelr@fag.edu.br

3. Co-orientador. Doutor em Genética e Biologia Molecular, UFRGS. Pós – doutorando na UFRGS.

**IN SILICO IDENTIFICATION OF NON-CHARACTERIZED CORN'S GENE *LOCI* THAT WERE DIFFERENTIALLY EXPRESSED DURING THE INTERACTION OF AZOSPIRILLUM WITH CORN IN THE PRESENCE OF AN INDOL-3- ACETIC ACID (IAA) SYNTHESIS INHIBITOR**

**ABSTRACT**

From the complete sequencing of the genome of *Arabidopsis thaliana*, in the mid-2000s, this plant became the model plant in genetic studies of angiosperms. Bioinformatics has been, over the last few years, a great ally in biological studies. It correlates knowledge in different areas in order to decipher the genetic code contained in biomolecules by establishing logical-mathematical and statistical models. Biological information databases are increasingly growing, among their applications described in the literature, the search for the identification of differentially expressed *loci* stands out. The emergence of sequencing has transformed many areas of biological research, including agriculture. Currently, the search for forms of cultivation that are less impactful to the environment has been highlighted. In this context, plant growth promoting bacteria (PGPBs) have emerged as an important alternative for increasing production without increasing the use of fertilizers. Among the most studied plant-bacteria relationships is the association between maize and *Azospirillum* ssp. Molecular studies of how this relationship occurs can help to enhance this relationship. Thus, the identification of maize genes that respond to the bacteria is important to better understand this relationship. The main objective of this work was to identify and characterize non-characterized *loci* that were differentially expressed during the interaction of the plant-growth promoting bacteria *Azospirillum brasilense* with maize (*Zea mays*) during the inhibition of indole-acetic acid production by the plant. For this purpose, the comparison of maize sequences with the genomes of *Arabidopsis thaliana* and *Oryza sativa* deposited in public plant genetic databases was carried out. From this comparison, it was possible to identify several maize genes, among which we highlight the ubiquitinase-type protein, 5NG4 auxin-induced protein (putative), "MAPK" proteins, 2C phosphatase protein (putative), and Cyclin-related protein (putative).

**Keywords:** Phytohormones, *Zea mays*, plant growth promoting bacteria, Biotechnology, Bioinformatics.

## INTRODUÇÃO

No decorrer das últimas décadas, o milho alcançou o patamar de maior cultura agrícola do mundo, sendo a única a ter ultrapassado a marca de 1 bilhão de toneladas. De extrema importância em termos de produção, a cultura ainda se destaca pelos diversos usos. Estimativas apontam para mais de 3.500 aplicações deste cereal. Além da relevância no aspecto de segurança alimentar, na alimentação humana e, principalmente, animal, é possível produzir com o milho uma infinidade de produtos, por exemplo, combustíveis, bebidas, polímeros, entre outros (MIRANDA, 2018).

O milho (*Zea mays*) é uma espécie que pertence à Família *Poaceae*, cultivada em muitas partes do mundo. Sua diversa utilização, usada tanto na alimentação humana quanto na animal, dá-se devido às suas notáveis qualidades nutricionais, que abrange praticamente todos os aminoácidos conhecidos, exceto a lisina e o triptofano. O milho é uma das culturas arvense mais importante no mercado agrícola (MIRANDA, 2018).

A introdução de novas variedades mais adequadas às nossas condições edafoclimáticas, assim como práticas culturais mais apropriadas, têm encaminhado a um aumento expressivo da produtividade da cultura no nosso país. O que posicionou indicadores de produtividade brasileiros entre os melhores a nível mundial (BARROS; CALADO, 2014).

Ao final do século XIX, no ano de 1888, a humanidade iniciava a desvendar um processo natural que elevaria a produtividade de diversas culturas décadas depois. A este processo natural, atribui-se o nome de fixação biológica de nitrogênio, evidenciada pelo engenheiro químico, botânico, bacteriologista e microbiologista do solo, o holandês Martinus Willem Beijerinck, o qual explicou que o processo de fixação de nitrogênio é realizado por bactérias (BEIJERINCK, 1898).

No início dos anos 70, o desenvolvimento de um método, denominado redução do acetileno, permitiu a determinação da fixação biológica de nitrogênio promovida pelas bactérias, ligado ao desenvolvimento de meio de cultura semissólido que assemelhava os níveis de oxigênio encontrados no solo. Tal fato acarretou a descoberta de duas espécies de *Azospirillum*: *Azospirillum lipoferum* e *Azospirillum brasilense* (BALDANI; BALDANI, 2005).

A fixação biológica de nitrogênio (FBN) é desenvolvida em organismos que possuem um complexo da nitrogenase. Esse complexo formado por duas metalo-proteínas: a dinitrogenase redutase (proteína que contém ferro) ou NifH, e a dinitrogenase (proteína que

contém um cofator molibdênio-ferro) ou NifDK (STEENHOUDT; VANDERLEYDEN, 2000). Fundamentado em uma série de reações redox por meio de complexos protéicos formados por ferro e molibdênio, este complexo enzimático diminui o nitrogênio atmosférico ( $N_2$ ) para a forma inorgânica, a amônia ( $NH_4^+$ ), que é absorvido pelas plantas (MOREIRA; SIQUEIRA, 2006). Depois da redução do  $N_2$  a  $NH_4^+$  ou da obtenção a partir do meio, a bactéria assimila essa amônia por meio da produção de glutamina e glutamato, compostos que irão agir como concessores de nitrogênio nas reações celulares (ARCONDEGUY; JACK; MERRICK, 2001).

Bactérias promotoras de crescimento vegetal (BPCV) envolvem microrganismos de vida livre que podem estabelecer relações simbióticas com as plantas. Estas podem colonizar a rizosfera, a superfície da raiz ou alguns tecidos vegetais (GLICK, 2012). Além da produção de sideróforos, a solubilização de fosfato, a produção de auxinas como ácido indol-3-acético (AIA), a síntese da enzima 1-amino ciclopropano-1- carboxilato (ACC) adenosina deaminase e a fixação biológica de nitrogênio (FBN) são alguns dos agentes de promoção de crescimento vegetal produzido por essas bactérias (AHEMAD; KIBRET, 2014). Acredita-se que a atividade biorreguladora desses microrganismos se deve principalmente à produção e excreção hormonal, sobressaindo auxinas, giberelinas, citocininas e ácido abscísico (BASHAN *et al.*, 2004).

O gênero *Azospirillum* caracteriza-se como bactéria gram-negativa, pertencente à subdivisão Proteobacteria, composta por bactérias aeróbicas, não-fermentativas, que, na maioria das vezes, atuam como promotores do crescimento de plantas (REIS *et al.*, 2010).

Para espécies pertencentes à família Poaceae, excepcionalmente o milho, o efeito positivo da inoculação com a bactéria *Azospirillum brasilense* se evidencia em melhorias nos aspectos morfofisiológicos, como o seu crescimento e aumento na produtividade do cereal (LANA *et al.*, 2012; QUADROS *et al.*, 2014).

Um dos efeitos observados na planta devido à inoculação com *Azospirillum brasilense* é o maior desenvolvimento das raízes, com consequente aumento da área radicular. Como consequência desta maior área radicular, já foram relatados incrementos na absorção da água e de minerais e maior tolerância a estresses abióticos, como salinidade e seca, o que resulta em uma planta mais vigorosa e produtiva, certamente pelo maior crescimento radicular e melhor nutrição das plantas (BASHAN *et al.*, 2004). Há vários relatos de maior tolerância a agentes patogênicos de plantas (CORREA *et al.*, 2008).

Relatórios indicam o papel da espécie *Azospirillum brasilense* como um importante fitoestimulador (CASSÁN *et al.*, 2009). Entre as respostas fisiológicas induzidas por

*Azospirillum brasilense*, estão incluídas a melhoria em parâmetros fotossintéticos das folhas, abrangendo o teor de clorofila e condutância estomática, elevado teor de prolina na parte aérea e raízes, aumento no potencial hídrico; o melhoramento no teor de água do apoplasto; maior produção de biomassa; maior altura de plantas; maior elasticidade da parede celular (BASHAN *et al.*, 2004). Além disso, há relatos de incremento em vários pigmentos fotossintéticos. Entre eles, por exemplo, a clorofila a, b, e pigmentos fotoprotetores auxiliares, como violaxantina, zeaxantina, atheroxantina, luteína, neoxantina e beta-caroteno. Incremento esse que ocasionaria plantas mais verdes e sem estresse hídrico (BARASSI *et al.*, 2008). Além do aumento na disponibilidade de nitrogênio, outro efeito observado devido à inoculação com *Azospirillum* é a maior disponibilidade de outros nutrientes, como fósforo (P) e potássio (K) (HUNGRIA 2011). Assim, as vantagens da inoculação com *Azospirillum* vão além da fixação biológica do nitrogênio, em virtude disso, as bactérias são classificadas como promotoras do crescimento de plantas (HUNGRIA, 2011).

Em milho, o aumento na absorção de nutrientes expõem o papel benéfico destas BPCV, aumento esse atribuído principalmente à produção de fitormônios (CASSAN *et al.*, 2021). Com relação aos fitormônios produzidos por esta bactéria, a síntese de auxinas, especialmente o ácido 3-indolacético (AIA) estimula o crescimento das raízes e o aumento de pelos radiculares, o que ocasiona a melhor absorção de nutrientes e água do solo e como efeito, aprimoram o crescimento da planta (CABALLERO; MELLADO *et al.*, 2006).

O DNA é a molécula responsável por armazenar toda a informação genética necessária à vida. O processo pelo qual essa informação é acessada é chamado de expressão genética. Ela é formada por múltiplos estágios em que a informação estocada nos genes (DNA) é transcrita em moléculas de RNA mensageiro (RNAm), e, por fim, este RNAm é traduzido em uma proteína (BRAY *et al.*, 2009). Assim, a expressão gênica é o processo em que a informação codificada no DNA é interpretada pela célula para guiar a síntese de proteínas. Compreender os princípios e mecanismos que regem esses programas complexos de expressão de genes é importante para a compreensão de essa interação planta bactéria. (MARGUERAT; BÄHLER, 2010)

O sequenciamento de um genoma fundamenta-se na determinação da ordem de nucleotídeos na cadeia de DNA de um indivíduo. A história do sequenciamento iniciou na década de 1970, quando Frederick Sanger e colaboradores (1977) e Maxam e Gilbert (1977) desenvolveram metodologias de sequenciamento de DNA por terminação de cadeia e fragmentação.

Sequenciar é o primeiro passo para se conhecer o genoma. As plataformas de sequenciamento geram grande quantidade de dados que requerem o desenvolvimento de ferramentas de bioinformática para interpretá-los. As ferramentas desenvolvidas são determinantes para interpretar esses dados buscando estabelecer, armazenar, analisar e até mesmo antever a estrutura de biomoléculas. Na atualidade, a genômica é dividida em três grandes áreas de estudo de cada componente do genoma: Estrutural, Funcional e Comparativa (SANGI, S.; BIANCHETTI, 2017).

Existem no genoma de milho diversos *loci* que, apesar de apresentarem a estrutura comum de um gene, ainda não foram devidamente caracterizados. Uma forma indireta de se fazer isso é através da comparação das sequências destes *loci* com sequências de outros organismos aparentados, a fim de identificar eventuais *loci* similares nestes organismos aparentados. Caso essas sequências semelhantes já estejam devidamente descritas, pode-se supor que a sequência não caracterizada apresente a mesma função se a semelhança for alta na região codante. Assim, o presente trabalho tem como objetivo comparar sequências de *loci* de milho não caracterizados com os genomas de arroz (*Oryza sativa*) e *Arabidopsis thaliana* a fim de identificar sequências similares que permitam supor as funções dos genes de milho.

## 1. ENCAMINHAMENTO METODOLÓGICO

Em um momento pretérito, durante o desenvolvimento de sua tese de doutorado, o Doutor Eliandro Espindula estudou a relação entre a BPCV *Azospirillum brasilense* com o milho (ESPINDULA et al, 2019). O foco da deferida tese de doutorado foi estudar e consequentemente melhor entender como esta relação ocorre a nível molecular (expressão gênica). Para tal foi inibida a síntese de ácido 3-indolacético (AIA) pela planta para acessar o efeito da presença da bactéria e/ou do AIA produzido por ela na expressão gênica da planta. Através da comparação dos grupos experimentais, foram identificados genes que estavam diferencialmente expressos. Entre esses, foram identificados *loci* que não se encontravam caracterizados no momento da escrita da referida tese.

### 1.1. ANÁLISE DOS DADOS

Antes de serem iniciadas as análises, os *loci* foram verificados na base de dados online MayzeGDB (<https://www.maizegdb.org/>) para verificar o estado da arte da identificação dos mesmos. Os *loci* que apresentaram descrição foram removidos. Nas análises subsequentes foram utilizados somente os *loci* que não apresentaram descrição.

Após essa primeira etapa, foram buscadas informações sobre esses *loci* não caracterizados no banco de dados NCBI (<https://www.ncbi.nlm.nih.gov/>). Para cada *locus* foram acessadas e baixadas as informações referentes à sequência do gene, do transcrito e da proteína codificada.

Concluído este levantamento de informações dos *loci*, foi montado um arquivo “.txt” com todas as sequências dos transcritos que foi usado nos passos seguintes das análises. Para este arquivo foi copiada a informação de cada um dos *locus* referente ao “símbolo do gene” (*Gene Symbol*), a expressão “[*Zea mays*]” que indicava se tratar de *locus* desta espécie, o GeneID, e a sequência do transcrito. As três primeiras informações foram colocadas na primeira linha e a sequência na linha abaixo. As informações e sequências de todos os *loci* foram acrescentadas uma após a outra, sem linhas entre elas.

Para verificar se os *loci* selecionados possuem sequências similares nos genomas de arroz (*Oryza sativa*) ou de *Arabidopsis thaliana*, se realizou uma busca no banco de dados do PHYTOZOME versão 13 (<https://phytozome-next.jgi.doe.gov/>). O arquivo com todas as sequências de transcritos foi carregado neste site e se fez uso da ferramenta BLAST (*Basic Local Alignment Search Tool* ou Ferramenta de Busca de Alinhamento Local Básico) é uma ferramenta de comparação entre sequências primárias (nucleotídeos ou aminoácidos) que utiliza um algoritmo de programação dinâmica para alinhamento local. BLAST apresenta uma metodologia de grande eficiência para comparação par-a-par entre sequências, quanto comparação de uma sequência com uma grande base de dados, utilizado para comparar as sequências de milho presentes no arquivo com os genomas de arroz e *Arabidopsis thaliana*. Nesta busca se utilizou as versões “*Oryza sativa* v7.0” e “*Arabidopsis thaliana* TAIR10” dos genomas de arroz e *Arabidopsis thaliana*, respectivamente. Desta análise se obteve uma tabela que indicava em qual cromossomo dos genomas de referência cada *locus* de milho alinhava. A especificidade do alinhamento, onde após alinhar sequências para descobrirmos o grau de similaridade entre elas de forma que possamos inferir (ou não) a uma delas, alguma propriedade já conhecida da outra, foi dada pelo valor de “E” (“*E-value*”). Alinhamentos com valores menores que  $e^{-30}$  foram considerados válidos. Nesta tabela também foi fornecido um link para acessar todas as informações dos *loci* dos genomas de referência no qual os genes de milho alinharam. Assim, utilizando esse link se recuperou as informações dos alinhamentos

(“*Gene Identifier*”, “*Description*” e “*Auto Define*”) válidos e as compilou, juntamente aos dados do alinhamento, em uma tabela (Anexo 1).

## 2. RESULTADOS E DISCUSSÃO

Dentre os genes de arroz (*Oryza Sativa*) que alinharam as sequências de milho em questão, destaca-se o *locus* LOC\_Os04g57190 (PAC:33112675), que codifica uma proteína do tipo *ubiquitinase* (Anexo 1). O processo de “ubiquitinação” desempenha um papel fundamental na degradação de proteínas (CIECHANOVER, 1998; WEISSMAN, 2001), enquanto a deubiquitinação desempenha o papel contrário com enzimas deubiquitinantes (DUBs) clivando a ubiquitina de proteínas conjugadas com ubiquitina (CHUNG; BAEK, 1999; WILKINSON, 2000). As proteínas exercem diversas funções biológicas, consequentemente, a estabilidade da proteína é um ponto de verificação crítico que regula o seu fluxo de informações, e a ubiquitinação da proteína vem sendo intensamente investigadas (ZHANG, 2003; FRAPPIER; VERRIJZER, 2011).

A célula degrada aceleradamente proteínas mal dobradas, resultado formado por mutação, além de proteínas anormais por decorrência de desnaturação espontânea, erros de transcrição (BUCHANAN *et al.*, 2000; GOLDBERG, 2003). Quando essas proteínas não são removidas, podem formar grandes agregados insolúveis que, por muitas vezes são tóxicos para a célula (BUCHANAN *et al.*, 2000). Tais proteínas anormais com erro no dobramento expõem sinais de degradação que normalmente ficariam escondidos no seu interior, esses sinais são identificados pela maquinaria proteolítica e a proteína é destruída (RAVID e HOCHSTRASSER, 2008). Além de apresentar a função proteolítica, a ubiquitinação tem sido relacionada a diversos processos celulares, dentre eles a endocitose, transdução de sinal, controle da transcrição gênica, reparo do DNA e replicação do DNA (HAGLUND; DIKIC, 2005).

A ubiquitinação se desencadeia quando o C-terminal da ubiquitina (proteína altamente conservada, com somente 76 aminoácidos) é ligado a um grupo amino de um resíduo de lisina da proteína-alvo (JADHAV; WOOTEN, 2009).

A ubiquitinação abrange na modificação pós-traducional reversível, no qual uma molécula de ubiquitina é ligada a uma proteína-alvo por meio de uma cascata enzimática de três passos: primeiro o grupo carboxílico da glicina existente no C-terminal da ubiquitina é ativado com consumo de ATP por uma enzima de ativação a ubiquitina (E1), a qual se torna presa por uma ligação tioéster (LI; YE, 2008). Na sequência, a ubiquitina ativada é transferida para uma cisteína do sítio ativo de uma segunda enzima, a enzima de conjugação a ubiquitina

(E2) (RAVID; HOCHSTRASSER, 2008); com o auxílio de uma terceira enzima, a ligase de ubiquitina ou E3, a enzima E2 catalisa a transferência da ubiquitina até a proteína destinada à destruição (RAVID; HOCHSTRASSER, 2008).

A função da ubiquitinação no desenvolvimento de plantas tem sido amplamente revisada por diversos autores, com o enfoque maior na caracterização de ligases de ubiquitina E3 nos processos fisiológicos da planta (HELLMANN; ESTELLE, 2002; MOON *et al.*, 2004). Nas plantas, há relatos de transcritos de genes pertencentes à via ubiquitina acumulados durante a senescência foliar e durante o ataque de patógenos (BUCHANAN-WOLLASTON, 1997; DEVOTO *et al.*, 2003). Este processo está relacionado em parte com a morte celular programada (MCP) ativada em resposta aos estágios finais de senescência foliar e em resposta ao ataque de patógenos (por meio de reações de hipersensibilidade), em que a planta sacrifica certos tecidos como uma estratégia de sobrevivência (BUCHANAN-WOLLASTON *et al.*, 2003; MOREL; DANGL, 1997; WOO *et al.*, 2001).

Nas nossas análises destaca-se também 2 loci de *Oryza sativa* [(LOC\_Os06g01966 (PAC:33148866) e LOC\_Os02g01326 (PAC:33140352)] que alinham em outras duas sequências de milho (Anexo 1). Tais loci de arroz codificam “proteína induzida por auxina 5NG4 (putativa)”. Tal proteína desempenha um papel importante em mecanismos fisiológicos associados à manutenção do rendimento de grãos sob baixas e altas temperaturas. A baixa temperatura é uma limitação ambiental grave que atinge especialmente o crescimento e desenvolvimento do arroz, em particular nos estágios iniciais de plântula e reprodução (FUJINO *et al.*, 2004). O estresse por frio, no início do estágio vegetativo, tem como resultados o crescimento atrofiado e crescimento da mortalidade das plântulas, que, por sua vez, acarreta ao padrão desigual de plântulas, retardo no desenvolvimento das panículas, esterilidade das espiguetas e, conseqüente, diminuição do rendimento do arroz (NAJEEB *et al.* 2020; NAKAGAHARA 1997). Estudos indicam que um dos principais mecanismos fisiológicos que está entre a perda de rendimento induzida por alta temperatura noturna é o aumento da respiração à noite que aumenta a utilização de fotoassimilados diminuindo, assim, as reservas de açúcar disponíveis para o enchimento de grãos (PENGET *et al.*, 2004; PETERS; PENDLETON; HAGEMAN; BROWN, 1971).

Outro locus de arroz (*Oryza sativa*) que alinhou em um gene de milho foi o LOC\_Os06g11600 (PAC:33146346). Ele codifica uma proteína “relacionada ao regulador de crescimento (putativa)”. Segundo Yu *et al.* (2017), esse gene é responsivo ao estresse induzido pela aplicação KCN. O cianeto é um importante agente de estresse que está presente tanto no ambiente quanto sendo produzida por vias metabólicas dentro da própria célula, e

necessita ser neutralizado para não causar danos nas plantas. Nesse mesmo estudo, observou-se que esse gene, ao lado de outros, estava estimulado na presença de cianeto, o que indica que ele, de alguma forma, atua na resposta à presença desse.

Pesquisadores estão mais atentos em manejar culturas tolerantes ao estresse abiótico, visto que plantas tolerantes são capazes de administrar o estresse abiótico. Os hormônios vegetais desempenham ações importantes na manutenção de efeitos adversos e condições ambientais, que interferem no crescimento, desenvolvimento, alocação de nutrientes e transições fonte/dreno (PELEG; BLUMWALD, 2011). KOHLI *et al.* (2013) evidenciaram a grande relevância do *cross-talk* de fitormônios, conclusões à resistência em plantas sob múltiplos estresses abióticos (GROSSMANN 1996).

Na literatura já foi relatado por diversos pesquisadores sobre superexpressão de genes envolvidos na biossíntese de Ácido abscísico (ABA), que pode ter um incremento dos níveis endógenos de ABA em mais ou menos de 10 vezes sob seca e estresse (THOMPSON *et al.*, 2000; QIN; ZEEVAART 2002; KUREPIN *et al.*, 2015). Também foi relatado por Xiong *et al.* (2002) e Chinnusamy *et al.* (2006) que o estresse salino é capaz de ativação de genes ligados biossintéticos ABA através de um corredor de fosforilação Ca dependente. Na verdade, neste estudo, dois genes relacionados ao ABA foram significativamente regulados para cima em brotos de plântulas de arroz expostas ao cianeto. No entanto, não foram encontrados genes únicos relacionados ao ABA que sejam capazes de regular para cima ou para baixo nas raízes. Era óbvio que *cross-talk* entre brassinosteróides (BRs) e ABA também é significativo sob sal e respostas ao estresse (RYU e CHO 2015). No entanto, o desempenho da BR é um gestor central positivo no desenvolvimento inicial de mudas, diminuindo as saídas de sinalização de ABA (ZHANG *et al.*, 2009; RYU; HWANG, 2013).

Destacamos também outros dois *loci* de *Oryza sativa* que alinharam nas sequências de milho: os *loci* LOC\_Os03g12390 (PAC:33132895) e LOC\_Os03g50550 (PAC:33130599), que codificam proteínas “MAPK”. Nas plantas, as cascatas “MAPK” desempenham funções de extrema importância, dentre as quais destaca-se a regulação do crescimento e desenvolvimento, respostas de estresse biótico e abiótico, e transdução de sinal de fitormônio. Depois de receber sinais externos, as MAPKKKs das plantas fosforilam principalmente os dois resíduos conservados de serina (S) e treonina (T), no motivo S/T-X5-S/T (X é qualquer aminoácido) de MAPKKs e ativam MAPKKs. Os MAPKKs ativados, por sua vez, fosforilam tanto a treonina (T) quanto a tirosina (Y) no motivo TDY ou TEY de MAPKs e ativam MAPKs. No entanto, a transdução de sinal mediada por cascata de MAPK de plantas precisa ser regulada com precisão, pois a ativação ou supressão contínua da sinalização de MAPK

causa efeitos colaterais para o crescimento normal das plantas. Assim, MAPKs de plantas podem fosforilar reversamente MAPKKKs para regular a cascata MAPK, controlando com precisão a transdução de sinal ou respostas (ZHANG *et al.*, 2018; PEDLEY *et al.*, 2005; RODRIGUEZ *et al.*, 2010; XU *et al.*, 2015; MENG *et al.*, 2013)

As cascatas de proteína quinase ativada por mitógeno (MAPK) foram caracterizados como módulos de transdução de sinal demasiadamente conservados em eucariotos com várias funções, agrupando diferentes estímulos extracelulares a uma vasta gama de respostas intracelulares. Uma cascata MAPK completa se representa principalmente em três quinases, incluindo uma MAPK quinase (MAPKKK ou MEKK), uma MAPK quinase (MAPKK ou MEK) e uma MAPK (MPK). Ao identificar o sinal de estímulo externo, as MAPKKKs fosforilam e ativam MAPKKs; as MAPKKs ativadas subsequentemente fosforilam MAPKs e, por fim, as MAPKs ativadas fosforilam um número extenso de substratos a jusante específicos, como fatores de transcrição, fatores de remodelação da cromatina, quinases ou então outras enzimas, incitando à reprogramação do transcrito e proteoma em toda a célula. A fosforilação sequencial é primordial para a transdução de sinal mediada pela cascata MAPK e interações entre as proteínas MAPK e seus substratos (DÓCZI; BÖGRE, 2018).

O genoma do arroz contém setenta e cinco OsMAPKKKs, oito OsMAPKKs e quinze OsMAPKs. Os OsMAPKKKs ocupam o maior grupo de proteínas da cascata MAPK do arroz, são separados em três famílias, incluindo quarenta e três OsMAPKKKs da família Raf, 22 OsMAPKKKs da família MEKK e dez OsMAPKKKs da família ZIK (YANG, 2015; RAO, 2010). Apesar de o genoma do arroz conter oito OsMAPKKs, dois deles não foram possíveis de serem detectados em níveis transcricionais em diferentes tecidos de arroz e são considerados pseudogenes, por isso, existem somente seis MAPKKs funcionais no arroz. As MAPKs são divididas em dois subtipos, TEY e TDY, de acordo com o motivo TXY conservado em sua alça ativa que fosforilou especificamente por MAPKKs. Destes, o subtipo TEY contém cinco OsMAPKs, o subtipo TDY possui 10 OsMAPKs (HAMEL *et al.*, 2006).

OsMAPKKKs, OsMAPKKs e OsMAPKs desempenham papéis no crescimento e desenvolvimento do arroz, como estrutura da planta, morfologia das folhas, embriogênese, desenvolvimento da semente, dormência da semente, tamanho da panícula e tamanho do grão, além de ter papéis cruciais na resposta ao estresse biótico, regulando positiva ou negativamente a resistência do arroz a patógenos, de modo que essas MAPKs atuam em resposta ao estresse abiótico, como seca, frio, sal ou estresse de submersão. Várias MAPKs participam do acúmulo de fitormônios, transdução de sinal ou resposta, como ácido abscísico (ABA), ácido salicílico (SA), ácido jasmônico (JA), etileno (ET), brassinosteróides (BR) ou

citocinina (CK) (SINGH *et al.*, 2013). As cascatas MAPK desempenham papéis críticos na embriogênese do arroz. A análise funcional de mutantes com perda de função de OsMAPK6 revela que OsMAPK6 afeta a diferenciação de células da camada L1 durante a embriogênese inicial para cessar o desenvolvimento embrionário no estágio globular, influenciando a síntese de GA e auxina (YI *et al.*, 2016).

Em nossas análises foram observadas que os loci LOC\_Os05g50970 (PAC:33155602) e LOC\_Os01g43100 (PAC:33122115) alinharam com a sequência de milho LOC100279239. Observou-se também que os loci de arroz LOC\_Os04g25570 (PAC:33108270) e LOC\_Os02g27220 (PAC:33139431), por sua vez, alinharam na sequência LOC100281394. Por fim, foi observado que as sequências de arroz LOC\_Os10g39780 (PAC:33100318), LOC\_Os03g04430 (PAC:33128290) e LOC\_Os06g50380 (PAC:33148551), e os loci de *Arabidopsis thaliana* AT5G66080 (PAC:19665514) e AT4G38520 (PAC:19646061) alinharam na sequência de milho LOC100285006. Todas essas sequências de arroz e de *Arabidopsis* codificam para um mesmo tipo proteico, a “proteína fosfatase 2C, (putativa)”. Esse tipo proteico catalisa a desfosforilação de proteínas-alvo em várias vias metabólicas das plantas.

O processo pelo qual as células vegetais identificam os sinais de estresse que conduzem à ativação de respostas adaptativas é referido como “transdução de sinal”. A percepção do estresse desencadeia uma série de respostas metabólicas nas células, que acaba por levar à expressão de genes envolvidos na resposta ao estresse (XIONG e ZHU, 2001). A ligação ou remoção de um grupo fosfato de uma proteína por diversas vezes tem efeitos profundos na estrutura e, conseqüentemente, nas propriedades funcionais da proteína. Estes ciclos de fosforilação/desfosforilação são de grande importância para possibilitar que as proteínas mudem aceleradamente de um estado para outro, o que permite que as plantas respondam a estímulos de estresse com rapidez e precisão, tornando a fosforilação reversível de proteínas um processo químico importante na transdução de sinal e regula todas as atividades celulares em sistemas eucarióticos (LUAN, 2003). Para ocorrer o processo de fosforilação de proteínas, uma proteína quinase transfere o grupo fosfato terminal de uma molécula de ATP para o grupo hidroxila em uma cadeia lateral Ser, Thr ou Tyr da proteína. A reação reversa ou desfosforilação é catalisada por uma proteína fosfatase (PP, do inglês *protein phosphatase*) (ALBERTS *et al.*, 2002).

Segundo a especificidade do substrato, as PPs (*Proteins phosphatase*/Proteína fosfatase) podem ser categorizados em Ser/Thr e Tyr fosfatases. Os estudos iniciais bioquímicos em sistemas animais designaram dois tipos principais (PP1 e PP2) de fosfatases

Ser/Thr com base em sua particularidade de substrato e propriedades farmacológicas (COHEN, 1989). As fosfatases do tipo PP2 podem ser ainda classificadas em PP2A, PP2B e PP2C meramente por sua dependência de cátions bivalentes: PP2B e PP2C são ativados por  $\text{Ca}^{2+}$  e  $\text{Mg}^{2+}$ , por essa ordem, enquanto PP2A, como PP1, não requer cátions para ativação.

Uma característica única das plantas Ser/Thr fosfatases é a abundância e diversidade de enzimas do tipo PP2C (LUAN, 2003). PP2Cs são frequentemente considerados como os reguladores negativos da sinalização de ABA (MERLOT *et al.*, 2001; SCHWEIGHOFER *et al.*, 2004). Em *Arabidopsis thaliana* existem 76 PP2Cs agrupados em 10 grupos de A-J (SCHWEIGHOFER *et al.*, 2004). No genoma da *Oryza sativa* 90 PP2Cs foram identificados e classificados em 11 grupos A-K (SINGH *et al.*, 2010). Proteínas PP2C de plantas demonstraram ter papéis críticos em vias de sinalização envolvidas em respostas hormonais e de estresse, formação de órgãos e desenvolvimento de flores (LUAN, 2003; SCHWEIGHOFER *et al.*, 2004).

Nas presentes análises, observou-se que o *locus* de arroz LOC\_Os01g67290 (PAC:33124801) alinhou em uma das sequências de milho. Esse locus codifica para uma “proteína relacionada à ciclina (putativa)”. Proteínas relacionadas à ciclina são de grande importância na coordenação entre a divisão celular e o crescimento, papel necessário para o desenvolvimento apropriado de organismos multicelulares. Sistemas complexos de regulação do ciclo celular tiveram grande evolução ao longo do tempo em plantas e animais. As quinases dependentes de ciclina (CDKs), uma classe conservada de serina/treonina quinases, em conjunto com suas subunidades reguladoras ciclinas (CYCs), conduzem a progressão unidirecional e irreversível de uma fase do ciclo celular para a próxima, atuando na fosforilação das proteínas alvos. Os inibidores de CDK (CKIs) manipulam negativamente a progressão do ciclo celular e estão envolvidos na instituição de pontos de verificação do ciclo celular. Em algumas condições, os CKIs também promovem um ciclo celular modificado conhecido como endorreplacação ou endoreduplicação, no qual a mitose e a citocinese são ignoradas, mas a replicação do DNA continua resultando em células com ploidia aumentada (DE VEYLDER, 2011; FOX DT, 2013).

As plantas terrestres têm 2 famílias de CKI (Inibidor de quinases dependentes de ciclina) bem definidas, sendo elas proteínas relacionadas a CDK/KIP (ICK/KRPS) e as proteínas relacionadas a SIAMESE (SMRS), que desempenham diversos papéis na regulação do ciclo celular (CORREA 1995; DE VEYLDER *et al.*, 2011). As ICK/KRPs têm similaridade de sequência limitada com proteínas Kip de mamíferos, enquanto os SMRs não possuem homólogos reconhecíveis fora do reino vegetal (DE VEYLDER *et al.*, 2011;

TORRES *et al.*, 2011). Quanto às ICK/KRPs e SMRs, compartilham apenas um único motivo de 6 aminoácidos, do qual se acredita ser um motivo de ligação à ciclina. A maior parte dos genomas de plantas terrestres contém múltiplos genes em ambas as famílias CKI, tal como o genoma de *Arabidopsis thaliana* contém 7 genes KRP e 17 genes SMR, números típicos de genomas de angiospermas (KUMAR *et al.*, 2015.; DE VEYLDER *et al.*, 2011). As plantas contêm 2 tipos de CDKs, sendo elas a CDKA e CDKBs. Em *Arabidopsis thaliana*, a única CDKA quinase, CDKA;1, que regula principalmente a transição G1/S, enquanto os CDKBs são essenciais para a mitose e são expressos apenas durante a fase G2 e M (POLYN *et al.*, 2015).

## CONSIDERAÇÕES FINAIS

A análise de dados iniciou com 900 *loci*. Antes de iniciá-las, foi realizada uma busca nos bancos de dados para verificar quais destes ainda permaneciam como “não-caracterizados” e aqueles que já haviam tido alguma caracterização. Após essa análise, restaram um total de 770 genes “não-caracterizados”, que foram utilizados nas análises subsequentes. Após isso, esses genes de milho foram alinhados contra o genoma de arroz (*Oryza sativa*) e de *Arabidopsis thaliana*. Dentre aqueles genes de milho que alinharam em algum *loci* destes dois organismos, alguns foram destacados e foi realizado levantamento bibliográfico para confirmar a atividade/função do *locus* em que o gene de milho alinhava com a finalidade de ao gene de milho as mesmas características do *loci* no qual ele alinhava.

A escolha dos dois genomas para a busca por sequências homólogas se deve pelo fato de que o arroz (*Oryza sativa*) é, assim como o milho, uma monocotiledônea do grupo dos cereais, e assim, por natureza, é evolutivamente próxima ao milho (*Zea mays*). Já a escolha de *Arabidopsis thaliana* (angiosperma) se deu pelo fato de ela ser a planta modelo de estudos genéticos em angiospermas e possuir vasta caracterização do seu genoma.

Os resultados obtidos ao longo deste trabalho evidenciam a importância dos bancos de dados genômicos. Com o uso deles, foi possível encontrar sequências gênicas de arroz ou de *Arabidopsis* com alto grau de similares às sequências “não-caracterizadas” de milho. E devido a esta alta similaridade, foi possível supor que os genes “não-caracterizados” de milho possuem a mesma função do *locus* com o qual ele alinhava.

Estudos subsequentes comparando a sequência de aminoácidos destes genes “não-caracterizados” de milho com a dos *loci* com os quais eles alinharam para verificar a presença de sítios ativos essenciais para a função que desempenham são necessários. Esses estudos

trarão maior confiança para estender aos genes “não-caracterizados” de milho a mesma função dos *loci* no qual eles alinham.

## REFERÊNCIAS

ABDUL, R. S.; KRISTARIYANTO, Y. A. *et al.*, 2016. **MINDY-1 Is a member of an evolutionarily conserved and structurally distinct new family of deubiquitinating enzymes.** Mol. Cell 63, 146–155. doi: 10.1016/j.molcel.2016.05.009.

ALBERTS, B.; JOHNSON, A.; LEWIS *et al.* **Molecular Biology of the Cell**, Ed 5. Garland Science, New York, 2002.

AMERIK, A. Y.; Hochstrasser, M. **Mechanism and function of deubiquitinating enzymes.** Biochim. Biophys. Acta 1695, 189–207. doi: 10.1016/j.bbamcr.2004.10.003, 2004.

ARCONDEGUY, T.; JACK, R.; MERRICK, M. P(II) signal transduction proteins, pivotal players in microbial nitrogen control. **Microbiol Mol Biol Rev**, 65, n. 1, p. 80-105, Mar 2001. Research Support, Non-U.S. Gov't Review.

BASHAN, Y.; BASHAN, L. E. How the plant growth-promoting bacterium *Azospirillum* promotes plant growth: a critical assessment. **Advances in Agronomy**, v. 108, p. 77-136, 2010.

BRAY, A.; JOHNSON, H.; RAFF, L.; WALTER, R. **Essential cell biology**. 3rd ed. 2009

BUCHANAN, B.; GRUISSEM, W.; JONES, R. **Biochemistry & Molecular Biology of Plant**. Rockville, Maryland, American Society of Plant Physiologists, 2000.

CABALLERO-MELLADO, J. Microbiología agrícola e interacciones microbianas con plantas. **Revista Latino-Americana de Microbiología**, Cidade do México, v. 48, n. 2, p. 154-161, 2006.

CASSÁN, F.; CONIGLIO, A.; LÓPEZ, G. ; MOLINA, R. *et al.* Tudo o que você deve saber sobre o *Azospirillum* e seu impacto na agricultura e além. **Biologia e fertilidade dos solos**, 56, n. 4, p. 461-479, 2020/05/01, 2020.

CASSÁN, F. D.; GARCIA DE SALAMONE, I. (Ed.) ***Azospirillum* sp.**: cell physiology, plant interactions and agronomic research in Argentina. Argentina: Asociación Argentina de Microbiología, 2008. 268 p.

CIECHANOVER, A. **The ubiquitin-proteasome pathway**: on protein death and cell life. EMBO J. 17, 7151–7160. doi: 10.1093/emboj/17.24.7151, 1998.

CORREA, O. S.; ROMERO, A. M.; SORIA, M. A.; DE ESTRADA, M. *Azospirillum brasilense*-plant genotype interactions modify tomato response to bacterial diseases, and root and foliar microbial communities. In: CASSÁN, F. D.; GARCIA DE SALAMONE, I. (Ed.) *Azospirillum spp.: cell physiology, plant interactions and agronomic research in Argentina*. Argentina: **Asociación Argentina de Microbiología**, p. 87-95, 2008.

CORREA-BORDES J; NURSE P. **p25rum1 orders S phase and mitosis by acting as an inhibitor of the p34cdc2 mitotic kinase**. *Cell* 1995; 83:1001-9; PMID:8521500. Disponível em: <[http://dx.doi.org/10.1016/0092-8674\(95\)90215-5](http://dx.doi.org/10.1016/0092-8674(95)90215-5)>. Acesso em: 15 nov. 2022.

CUI, X.; LU, F.; LI, Y., *et al.* **Ubiquitin-specific proteases UBP12 and UBP13 act in circadian clock and photoperiodic flowering regulation in Arabidopsis**. *Plant Physiol.* 162, 897–906. doi: 10.1104/pp.112. 213009, 2013.

DE VEYLDER L, L.; JC, S. A. **Molecular control and function of endoreplication in development and physiology**. *Trends Plant Sci.* 2011 Nov;16(11):624-34. doi: 10.1016/j.tplants.2011.07.001. Epub 2011 Sep 1. PMID: 21889902.

DÓCZI, R.; Bögre, L. **The quest for MAP kinase substrates: Gaining momentum**. *Trends Plant Sci.*, 23, 918–932, 2008.

DOELLING, J. H.; YAN, N. *et al.* **The ubiquitin-specific protease UBP14 is essential for early embryo development in Arabidopsis thaliana**. *Plant J.* 27, 393–405. doi: 10.1046/j.1365-313X.2001. 01106.x, 2001.

DU, L., LI, N., CHEN, L. *et al.* **The ubiquitin receptor DA1 regulates seed and organ size by modulating the stability of the ubiquitinspecific protease UBP15/SOD2 in Arabidopsis**. *Plant Cell* 26, 665–677. doi: 10.1105/tpc.114.122663, 2014.  
FOX DT, D. R.J. **Endoreplication and polyploidy: insights into development and disease**. *Development*. Jan 1;140(1):3-12. doi: 10.1242/dev.080531. PMID: 23222436; PMCID: PMC3513989, 2013.

ESPINDULA, ELIANDRO. **Metodologias para análise de experimentos de Dual RNA-seq: aplicação da melhor estratégia no estudo das interações entre Azospirillum brasilense e milho durante a inibição da produção de Ácido Indol-3-Acético pela planta**. 2019. [lume.ufrgs.br, https://lume.ufrgs.br/handle/10183/212911](https://lume.ufrgs.br/handle/10183/212911).

FRAILE, J. M.; QUESADA, V.; RODRIGUEZ, D. *et al.* **Deubiquitinases in cancer: new functions and therapeutic options**. *Oncogene* 31, 2373–2388. doi: 10.1038/onc.2011.443, 2012.

FRAPPIER, L.; VERRIJZER, C. P. **Gene expression control by protein deubiquitinases**. *Curr. Opin. Genet. Dev.* 21, 207–213. doi: 10.1016/j.gde.2011. 02.005, 2011.

FUJINO, K.; Sekiguchi, H. *et al.* **Mapping of Quantitative Trait Loci Controlling Low-Temperature Germinability in Rice (*Oryza sativa* L.)**. Theor. Appl. Genet, 108, 794–799, 2004.

GLICK, B. R. **Plant Growth-Promoting Bacteria: Mechanisms and Applications**. *Scientifica*, v. 2012, p.963401, 2012.

GROSSMANN K (1996) **A role for cyanide, derived from ethylene biosynthesis, in the development of stress symptoms**. Physiol Plant 97:772–775 Hadiarto T, Tran LS. Progress studies of drought-responsive genes in rice. Plant Cell Rep 30:297–310, 2011.

HAGLUND, K.; DIKIC, I. **Ubiquitylation and cell signaling**. EMBO J, v. 24, n. 19, 3353-9, 2005.

HAMEL, L. P.; NICOLE, M.C, *et al.* **Ancient signals: Comparative genomics of plant MAPK and MAPKK gene families**. *Trends Plant Sci.* 11, 192–198, 2006.

HELLMANN, H.; ESTELLE, M. **Plant Development: Regulation by Protein Degradation**. Science, v. 297, n. 5582, 793-797, 2002.

HUANG, T. T.; NIJMAN, S. M., *et al.* **Regulation of monoubiquitinated PCNA by DUB autocleavage**. Nat. Cell Biol. 8, 339–347. doi: 10.1038/ncb1378, 2006.

HUNGRIA, M.; CAMPO, R.J.; MENDES, I.C. **A importância do processo de fixação biológica do nitrogênio para a cultura da soja**: componente essencial para a competitividade do produto brasileiro. Londrina: Embrapa Soja, 2007. 80p. (Embrapa Soja. Documentos, 283). (ISSN 1516- 781X; N 283).

HUNGRIA, M.; **Inoculação com *Azospirillum brasilense***: inovação em rendimento a baixo custo. Londrina: Embrapa Soja. 2011. 36p. (Embrapa Soja. Documents, 325) improves yields of maize and wheat in Brazil. **Plant and Soil**, v. 331, n. 1-2, p. 413–425, 2010.

JADHAV, T.; WOOTEN, M. W. **Defining an Embedded Code for Protein Ubiquitination**. J Proteomics Bioinform, v. 2, n., 316, 2009

KOHLI A, Sreenivasulu N, Lakshmanan P, Kumar P (2013) **The phytohormone crosstalk paradigm takes center stage in understanding how plants respond to abiotic stresses**. Plant Cell Rep 32:945–957.

KUMAR N, Harashima H, Kalve S, Bramsiepe J, Wang K, Sizani BL, Bertrand LL, Johnson MC, Faulk C, Dale R, et al. **Functional conservation in the SIAMESE-RELATED family of cyclin-dependent kinase inhibitors in land plants**. Plant Cell 2015; 27:3065-80, in press; PMID:26546445; Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1105/tpc.15.00489>>. Acesso em: 15 nov. 2022.

LI, W.; YE, Y. **Polyubiquitin chains: functions, structures, and mechanisms.** *Cell Mol Life Sci*, v. 65, n. 15, 2397–406, 2008.

LIANG, J.; SAAD, Y. *et al.* **MCP-induced protein 1 deubiquitinates TRAF proteins and negatively regulates JNK and NF-kappaB signaling.** *J. Exp. Med.* 207, 2959–2973. doi: 10.1084/jem.20092641, 2010.

LU, X. C.; GONG, H. Q. *et al.* **Molecular analysis of early rice stamen development using organ-specific gene expression profiling.** *Plant Mol. Biol.* 61, 845–861. doi: 10.1007/s11103-006-0054-3, 2006.

LUAN, S. **Protein phosphatases in plants.** *Annu Rev Plant Biol* 54: 63–92, 2003.

MACHINGURA M; SALOMON, E, *et al.* **The  $\beta$ -cyanoalanine synthase pathway: beyond cyanide detoxification.** *Plant Cell Environ* 39:2329–2341, 2016.

MARGUERAT, S.; BÄHLER, J. **RNA-seq: from technology to biology.** *Cellular and molecular life sciences* : CMLS, v. 67, n. 4, p. 569–79, 2010.

MENG, X.; ZHANG, S. **MAPK cascades in plant disease resistance signaling.** *Annu. Rev. Phytopathol.* 51, 245–266, 2013.

MERLOT S; GOSTI, F; GUERRIER D; VAVASSEUR *et al.* **The ABI1 and ABI2 protein phosphatases 2C act in a negative feedback regulatory loop of the abscisic acid signaling pathway.** *Plant J* 25(3):295–303, 2001.

MIRANDA, D. S. *et al.* **Avaliação da qualidade do milho pipoca.** *Revista Tecnológica*, p. 13-20. Edição especial V Simpósio de Engenharia, Ciência e Tecnologia de Alimentos, 2011.

MOON, J.; PARRY, G.; ESTELLE, M. **The ubiquitin-proteasome pathway and plant development.** *Plant Cell*, v. 16, n. 12, 3181-95, 2004.

MOREIRA, F. M. S.; SIQUEIRA, J. O. **Microbiologia e Bioquímica do Solo.** Lavras: UFLA, 2006.

NAJEEB, S.; ALI, J.; MAHENDER, A. *et al.* **of Main-Effect Quantitative Trait Loci (QTLs) for Low-Temperature Stress Tolerance Germination-and Early Seedling Vigor-Related Traits in Rice (*Oryza sativa* L.).** *Mol. Breed.* 2020, 40, 10.

NAKAGAHARA, M.; OKUNO, K.; VAUGHAN, D. **Rice Genetic Resources: History, Conservation, Investigative Characterization and Use in Japan.** *Plant Mol. Biol.*, 35, 69–77, 2017.

PEDLEY, K.F.; Martin, G.B. **Role of mitogen-activated protein kinases in plant immunity.** *Curr. Opin. Plant Biol.* 8, 541–547, 2005.

PELEG Z; BLUMWALD, E. **Hormone balance and abiotic stress tolerance in crop plants.** *Curr Opin Plant Biol* 14:290–295, 2011.

PENG, S., HUANG, J., SHEEHY, J. E., *et al.* **Rice yields decline with higher night temperature from global warming.** *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 101, 9971–9975, 2004.

PETERS, D. B., PENDLETON, J. *et al.* **Effect of night air temperature on grain yield of corn, wheat, and soybeans 1.** *Agronomy Journal*, 63, 809–809, 1971.

POLYN S, W. A; DE VEYLDER, L. **Cell cycle entry, maintenance, and exit during plant development.** *Curr Opin Plant Biol* 2015; 23:1-7; PMID:25449720. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1016/j.pbi.2014.09.012>> Acesso em: 15 nov. 2022.

QUADROS, P. D. *et al.* **Desempenho agronômico a campo de híbridos de milho inoculados com *Azospirillum*.** *Revista Ceres*, v. 61, n. 2, p. 209-218, 2014.

RAO, K. P.; RICHA, T. *et al.* **In silico analysis reveals 75 members of mitogen-activated protein kinase kinase kinase gene family in rice.** *DNA Res.* 2010, 17, 139–153, 2010.

RAVID, T.; HOCHSTRASSER, M. **Diversity of degradation signals in the ubiquitinproteasome system.** *Nat Rev Mol Cell Biol*, v. 9, n. 9, 679-90, 2008.

SANGI, S.; BIANCHETTI, R. E. **Da genômica à bioinformática.** VII Botânica no Inverno 2017. Instituto de Biociências da Universidade de São Paulo, Departamento de Botânica, 332p. São Paulo, 2017.

SCHWEIGHOFER A; HIRT H; MESKIENE, I. **Plant PP2C phosphatases: emerging functions in stress signaling.** *Trends Plant Sci* 9: 236–243, 2004.

SINGH, A.; GIRI, J, *et al.* **Protein phosphatase complement in rice: genome-wide identification and transcriptional analysis under abiotic stress conditions and reproductive development.** *BMC Genomics* 11: 435, 2010.

SINGH, R.; JWA, N. S. **The rice MAPKK-MAPK interactome: The biological significance of MAPK components in hormone signal transduction.** *Plant Cell Rep.* 2013, 32, 923–931.

TORRES ACOSTA, J. A., FOWKE, L. C., WANG, H. **Analyses of phylogeny, evolution, conserved sequences and genome-wide expression of the ICK/KRP family of plant CDK inhibitors.** *Ann Bot* 2011; 107:1141-57; PMID:21385782. Disponível em: <<http://dx.doi.org/10.1093/aob/mcr034>>. Acesso em: 15 nov. 2022.

WEISSMAN, A. M. **Themes and variations on ubiquitylation.** *Nat. Rev. Mol. Cell Biol.* 2, 169–178. doi: 10.1038/35056563, 2001.

WILKINSON, K. D. **Ubiquitination and deubiquitination:** targeting of proteins for degradation by the proteasome. *Semin. Cell Dev. Biol.* 11, 141–148. doi: 10.1006/scdb.2000.0164, 2000.

WU, X.; YEN, L.; IRWIN, L. *et al.* (2004). **Stabilization of the E3 ubiquitin ligase Nrdp1 by the deubiquitinating enzyme USP8.** *Mol. Cell. Biol.* 24, 7748–7757. doi: 10.1128/MCB.24.17.7748-7757, 2004.

XIONG, L.; ZHU, J. K. **Abiotic stress signal transduction in plants:** molecular and genetic perspectives. *Physiol Plant* 112(2):152–166, 2001.

XU, J.; ZHANG, S. **Mitrogen-activated protein kinase cascades in signaling plant growth and development.** *Trends Plant Sci.* 20, 56–64, 2015.

YANG, P.; SMALLE, J.; LEE, S., *et al.* **Ubiquitin C-terminal hydrolases 1 and 2 affect shoot architecture in Arabidopsis.** *Plant J.* 51, 441–457. doi: 10.1111/j.1365-313X.2007.03154.x, 2007.

YANG, Z.; MA, H.; HONG, H. *et al.* **Transcriptome-based analysis of mitogen-activated protein kinase cascades in the rice response to *Xanthomonas Oryzae* infection.** *Rice*, 2015

YI, J.; LEE, Y. S.; LEE, D. Y. *et al.* **OsMPK6 plays a critical role in cell differentiation during early embryogenesis in *Oryza sativa*.** *J. Exp. Bot.* 67, 2425–2437, 2016.

YU XZ, L.; YJ, L.; CJ, Z. X. H. **Identification, and expression analysis of CYS-A1, CYS-C1, NIT4 genes in rice seedlings exposed to cyanide.** *Ecotoxicology* 26:956–965, 2017.

ZHANG, M.; SU, J.; ZHANG, Y. *et al.* **Conveying endogenous and exogenous signals: MAPK cascades in plant growth and defense.** *Curr. Opin. Plant Biol.* 45, 1–10, 2018.

ZHANG, Y. **Transcriptional regulation by histone ubiquitination and deubiquitination.** *Genes Dev.* 17, 2733–2740. doi: 10.1101/gad.1156403, 2003.

## ANEXOS

### ANEXO 1

| Genes de milho "não-caracterizados" |           | Informações sobre o alinhamento |                          |           | <i>Oryza sativa</i>              |                                                              | <i>Arabidopsis thaliana</i> |           |
|-------------------------------------|-----------|---------------------------------|--------------------------|-----------|----------------------------------|--------------------------------------------------------------|-----------------------------|-----------|
| Gene Symbol                         | Gene ID   | Cromossomo                      | Espécie                  | E-value   | Gene Identifier                  | Descrição                                                    | Gene Identifier             | Descrição |
| LOC100281965                        | 100281965 | 2                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.78E-36  | LOC_Os02g57070<br>(PAC:33134900) | -5 exoribonuclease CSL4, putative,<br>expressed              |                             |           |
| LOC100279000                        | 100279000 | 3                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.66E-126 | LOC_Os03g08270<br>(PAC:33126959) | ataxin-2 C-terminal region family protein,<br>expressed      |                             |           |
| LOC100283869                        | 100283869 | 1                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.90E-73  | LOC_Os01g55290<br>(PAC:33122564) | PPR repeat domain containing protein,<br>putative, expressed |                             |           |
| LOC100281425                        | 100281425 | 3                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.50E-156 | LOC_Os03g48180<br>(PAC:33130387) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed             |                             |           |
| LOC100281425                        | 100281425 | 7                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.85E-149 | LOC_Os07g09310<br>(PAC:33114374) | thioredoxin, putative, expressed                             |                             |           |
| LOC100281425                        | 100281425 | 7                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.89E-82  | LOC_Os07g09310<br>(PAC:33114374) | thioredoxin, putative, expressed                             |                             |           |
| LOC100281425                        | 100281425 | 7                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.39E-45  | LOC_Os07g09310<br>(PAC:33114374) | thioredoxin, putative, expressed                             |                             |           |
| LOC100281425                        | 100281425 | 1                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.98E-46  | LOC_Os01g04950<br>(PAC:33125947) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed             |                             |           |
| LOC100281425                        | 100281425 | 1                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.48E-32  | LOC_Os01g37590<br>(PAC:33120830) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed             |                             |           |
| LOC100281425                        | 100281425 | 5                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.86E-35  | LOC_Os05g34010<br>(PAC:33158941) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed             |                             |           |
| LOC100285784                        | 100285784 | 10                              | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 9.63E-52  | LOC_Os10g39220<br>(PAC:33101581) | tobamovirus multiplication protein,<br>putative, expressed   |                             |           |
| LOC103633290                        | 103633290 | 7                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os07g37150<br>(PAC:33117622) | expressed protein                                            |                             |           |
| LOC100170237                        | 100170237 | 1                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.28E-62  | LOC_Os01g03730<br>(PAC:33123692) | nuclease PA3, putative, expressed                            |                             |           |
| LOC100191163                        | 100191163 | 8                               | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.52E-48  | LOC_Os08g44180<br>(PAC:33106900) | expressed protein                                            |                             |           |

|              |           |    |                              |           |                                  |                                                                         |                             |                    |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|----------------------------------|-------------------------------------------------------------------------|-----------------------------|--------------------|
| LOC100191176 | 100191176 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.29E-56  | LOC_Os10g42700<br>(PAC:33101035) | CS domain containing protein, putative,<br>expressed                    |                             |                    |
| LOC100191184 | 100191184 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.24E-43  | LOC_Os06g30750<br>(PAC:33147791) | reticulon domain containing protein,<br>putative, expressed             |                             |                    |
| LOC100191184 | 100191184 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.25E-40  | LOC_Os02g16620<br>(PAC:33133897) | reticulon domain containing protein,<br>putative, expressed             |                             |                    |
| LOC100191203 | 100191203 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.02E-65  | LOC_Os01g63890<br>(PAC:33125508) | G10 protein, putative, expressed                                        |                             |                    |
| LOC100191203 | 100191203 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.58E-64  | LOC_Os04g55290<br>(PAC:33112591) | G10 protein, putative, expressed                                        |                             |                    |
| LOC100191203 | 100191203 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.02E-46  | LOC_Os05g37390<br>(PAC:33156398) | G10 protein, putative, expressed                                        |                             |                    |
| LOC100191203 | 100191203 | 4  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 2.81E-38  |                                  |                                                                         | AT4G21110<br>(PAC:19644974) | G10 family protein |
| LOC100191203 | 100191203 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.19E-36  | LOC_Os12g05410<br>(PAC:33150898) | G10 protein, putative, expressed                                        |                             |                    |
| LOC100191221 | 100191221 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.20E-40  | LOC_Os04g57190<br>(PAC:33112675) | ubiquitin carboxyl-terminal hydrolase,<br>family 1, putative, expressed |                             |                    |
| LOC100191422 | 100191422 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.81E-89  | LOC_Os03g62340<br>(PAC:33132128) | protein kinase family protein, putative,<br>expressed                   |                             |                    |
| LOC100191422 | 100191422 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.32E-64  | LOC_Os03g62340<br>(PAC:33132128) | protein kinase family protein, putative,<br>expressed                   |                             |                    |
| LOC100191422 | 100191422 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.33E-49  | LOC_Os03g62340<br>(PAC:33132128) | protein kinase family protein, putative,<br>expressed                   |                             |                    |
| LOC100191422 | 100191422 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.93E-44  | LOC_Os03g62340<br>(PAC:33132128) | protein kinase family protein, putative,<br>expressed                   |                             |                    |
| LOC100191422 | 100191422 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.24E-32  | LOC_Os03g62340<br>(PAC:33132128) | protein kinase family protein, putative,<br>expressed                   |                             |                    |
| LOC100191433 | 100191433 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.67E-101 | LOC_Os02g17240<br>(PAC:33135188) | ATROPGEF7/ROPGEF7, putative,<br>expressed                               |                             |                    |
| LOC100191433 | 100191433 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.23E-69  | LOC_Os01g48410<br>(PAC:33126496) | ATROPGEF7/ROPGEF7, putative,<br>expressed                               |                             |                    |
| LOC100191433 | 100191433 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.04E-62  | LOC_Os01g55520<br>(PAC:33125100) | ATROPGEF7/ROPGEF7, putative,<br>expressed                               |                             |                    |
| LOC100191433 | 100191433 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.29E-39  | LOC_Os01g48410<br>(PAC:33126496) | ATROPGEF7/ROPGEF7, putative,<br>expressed                               |                             |                    |
| LOC100191433 | 100191433 | 1  | <i>O. sativa</i>             | 6.24E-31  | LOC_Os01g48410                   | ATROPGEF7/ROPGEF7, putative,                                            |                             |                    |

|              |           | v7.0 |                              | (PAC:33126496) | expressed                        |                                                                 |                                                                              |
|--------------|-----------|------|------------------------------|----------------|----------------------------------|-----------------------------------------------------------------|------------------------------------------------------------------------------|
| LOC100191433 | 100191433 | 1    | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 3.45E-53       |                                  |                                                                 | AT1G79860<br>(PAC:19656276) peptide transporter PTR2,<br>putative, expressed |
| LOC100191433 | 100191433 | 5    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.24E-31       | LOC_Os05g48640<br>(PAC:33159991) | ATROPGEF7/ROPGEF7, putative,<br>expressed                       |                                                                              |
| LOC100191709 | 100191709 | 3    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0              | LOC_Os03g60850<br>(PAC:33131616) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                |                                                                              |
| LOC100191709 | 100191709 | 3    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.89E-35       | LOC_Os03g04570<br>(PAC:33127109) | peptide transporter PTR3-A, putative,<br>expressed              |                                                                              |
| LOC100191709 | 100191709 | 3    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.52E-34       | LOC_Os03g60850<br>(PAC:33131616) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                |                                                                              |
| LOC100191709 | 100191709 | 1    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.09E-41       | LOC_Os03g60850<br>(PAC:33131616) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                |                                                                              |
| LOC100191709 | 100191709 | 1    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.29E-33       | LOC_Os01g28980<br>(PAC:33120582) | proton-dependent oligopeptide transport,<br>putative, expressed |                                                                              |
| LOC100191709 | 100191709 | 4    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.76E-40       | LOC_Os04g59480<br>(PAC:33112003) | POT family protein, expressed                                   |                                                                              |
| LOC100191709 | 100191709 | 5    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.60E-38       | LOC_Os05g35650<br>(PAC:33157677) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                |                                                                              |
| LOC100191709 | 100191709 | 8    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.50E-32       | LOC_Os08g41590<br>(PAC:33104216) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                |                                                                              |
| LOC100192499 | 100192499 | 8    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.03E-78       | LOC_Os03g60850<br>(PAC:33131616) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                |                                                                              |
| LOC100192499 | 100192499 | 5    | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 6.51E-37       |                                  |                                                                 | AT5G56090<br>(PAC:19667578) cytochrome c oxidase 15                          |
| LOC100192503 | 100192503 | 2    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.29E-51       | LOC_Os02g45650<br>(PAC:33139965) | peptidase, putative, expressed                                  |                                                                              |
| LOC100192543 | 100192543 | 11   | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0              | LOC_Os11g29680<br>(PAC:33160091) | expressed protein                                               |                                                                              |
| LOC100192870 | 100192870 | 3    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.25E-170      | LOC_Os03g17260<br>(PAC:33130369) | expressed protein                                               |                                                                              |
| LOC100193067 | 100193067 | 7    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.83E-57       | LOC_Os07g27880<br>(PAC:33118753) | O-methyltransferase, putative, expressed                        |                                                                              |
| LOC100193067 | 100193067 | 7    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.40E-41       | LOC_Os07g28040<br>(PAC:33114129) | O-methyltransferase, putative, expressed                        |                                                                              |
| LOC100193067 | 100193067 | 7    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.10E-38       | LOC_Os07g27970<br>(PAC:33117424) | O-methyltransferase, putative, expressed                        |                                                                              |
| LOC100193067 | 100193067 | 7    | <i>O. sativa</i>             | 3.59E-32       | LOC_Os07g28040                   | O-methyltransferase, putative, expressed                        |                                                                              |

|              |           |    |                          |           |                                  |                                                                                         |
|--------------|-----------|----|--------------------------|-----------|----------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------|
|              |           |    | v7.0                     |           | (PAC:33114129)                   |                                                                                         |
| LOC100193252 | 100193252 | Un | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os02g10530<br>(PAC:33137731) | expressed protein                                                                       |
| LOC100193252 | 100193252 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.03E-38  | LOC_Os01g68140<br>(PAC:33125978) | expressed protein                                                                       |
| LOC100193350 | 100193350 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.22E-78  | LOC_Os06g01966<br>(PAC:33148866) | auxin-induced protein 5NG4, putative,<br>expressed                                      |
| LOC100193350 | 100193350 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.95E-73  | LOC_Os02g01326<br>(PAC:33140352) | auxin-induced protein 5NG4, putative,<br>expressed                                      |
| LOC100193369 | 100193369 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.07E-38  | LOC_Os10g13914<br>(PAC:33099401) | POEI27 - Pollen Ole e I allergen and<br>extensin family protein precursor,<br>expressed |
| LOC100193369 | 100193369 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.23E-38  | LOC_Os10g13914<br>(PAC:33099401) | POEI27 - Pollen Ole e I allergen and<br>extensin family protein precursor,<br>expressed |
| LOC100193369 | 100193369 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.59E-33  | LOC_Os10g14194<br>(PAC:33100586) | POEI28 - Pollen Ole e I allergen and<br>extensin family protein precursor,<br>expressed |
| LOC100193544 | 100193544 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os12g02130<br>(PAC:33154322) | expressed protein                                                                       |
| LOC100193572 | 100193572 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.24E-62  | LOC_Os06g11600<br>(PAC:33146346) | growth regulator related protein, putative,<br>expressed                                |
| LOC100193792 | 100193792 | 9  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os09g20860<br>(PAC:33141369) | calmodulin-binding protein, putative,<br>expressed                                      |
| LOC100193962 | 100193962 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.99E-31  | LOC_Os01g69110<br>(PAC:33124129) | expressed protein                                                                       |
| LOC100194075 | 100194075 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.91E-75  | LOC_Os01g66050<br>(PAC:33125345) | wound-responsive family protein, putative,<br>expressed                                 |
| LOC100194144 | 100194144 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.24E-64  | LOC_Os12g43700<br>(PAC:33152565) | SCP-like extracellular protein, expressed                                               |
| LOC100194144 | 100194144 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.88E-37  | LOC_Os10g34529<br>(PAC:33099904) | expressed protein                                                                       |
| LOC100194263 | 100194263 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.55E-74  | LOC_Os01g43610<br>(PAC:33121647) | DUF623 domain containing protein,<br>expressed                                          |
| LOC100194263 | 100194263 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.77E-54  | LOC_Os05g50680<br>(PAC:33159401) | WRKY83, expressed                                                                       |
| LOC100194267 | 100194267 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.78E-130 | LOC_Os05g48410<br>(PAC:33158108) | 50S ribosomal protein L21, chloroplast<br>precursor, putative, expressed                |

|              |           |    |                              |           |                                  |                                                                                                                         |                             |                                             |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|----------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------|---------------------------------------------|
| LOC100194342 | 100194342 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.65E-47  | LOC_Os11g34320<br>(PAC:33162401) | regulator of chromosome condensation,<br>putative, expressed                                                            |                             |                                             |
| LOC100216613 | 100216613 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.33E-91  | LOC_Os02g47830<br>(PAC:33139605) | expressed protein                                                                                                       |                             |                                             |
| LOC100216854 | 100216854 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os02g17240<br>(PAC:33135188) | ATROPGEF7/ROPGEF7, putative,<br>expressed                                                                               |                             |                                             |
| LOC100216854 | 100216854 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.39E-58  | LOC_Os01g55520<br>(PAC:33125100) | ATROPGEF7/ROPGEF7, putative,<br>expressed                                                                               |                             |                                             |
| LOC100216854 | 100216854 | 3  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 6.77E-31  |                                  |                                                                                                                         | AT3G24620<br>(PAC:19662233) | RHO guanyl-nucleotide<br>exchange factor 8  |
| LOC100216854 | 100216854 | 1  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 6.77E-31  |                                  |                                                                                                                         | AT1G79860<br>(PAC:19656276) | RHO guanyl-nucleotide<br>exchange factor 12 |
| LOC100217309 | 100217309 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.41E-58  | LOC_Os03g59070<br>(PAC:33127551) | phosphatase, putative, expressed                                                                                        |                             |                                             |
| LOC100272290 | 100272290 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os03g12390<br>(PAC:33132895) | STE_MEK_ste7_MAP2K.6 - STE kinases<br>include homologs to sterile 7, sterile 11 and<br>sterile 20 from yeast, expressed |                             |                                             |
| LOC100272290 | 100272290 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.21E-75  | LOC_Os03g50550<br>(PAC:33130599) | STE_MEK_ste7_MAP2K.7 - STE kinases<br>include homologs to sterile 7, sterile 11 and<br>sterile 20 from yeast, expressed |                             |                                             |
| LOC100272290 | 100272290 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.68E-48  | LOC_Os01g42400<br>(PAC:33123653) | STE_MEK_ste7_MAP2K.3 - STE kinases<br>include homologs to sterile 7, sterile 11 and<br>sterile 20 from yeast, expressed |                             |                                             |
| LOC100272290 | 100272290 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.70E-44  | LOC_Os06g09180<br>(PAC:33148311) | OsMKK5 - putative MAPKK based on<br>amino acid sequence homology, expressed                                             |                             |                                             |
| LOC100272290 | 100272290 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.69E-41  | LOC_Os02g46760<br>(PAC:33139591) | STE_MEK_ste7_MAP2K.4 - STE kinases<br>include homologs to sterile 7, sterile 11 and<br>sterile 20 from yeast, expressed |                             |                                             |
| LOC100272290 | 100272290 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.34E-40  | LOC_Os02g54600<br>(PAC:33136334) | STE_MEK_ste7_MAP2K.5 - STE kinases<br>include homologs to sterile 7, sterile 11 and<br>sterile 20 from yeast, expressed |                             |                                             |
| LOC100272343 | 100272343 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 9.35E-129 | LOC_Os01g08830<br>(PAC:33122088) | OsFBDUF1 - F-box and DUF domain<br>containing protein, expressed                                                        |                             |                                             |
| LOC100272543 | 100272543 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.54E-173 | LOC_Os06g40960<br>(PAC:33147706) | ZOS6-05 - C2H2 zinc finger protein,<br>expressed                                                                        |                             |                                             |
| LOC100272543 | 100272543 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.90E-147 | LOC_Os08g39390<br>(PAC:33107059) | ZOS8-10 - C2H2 zinc finger protein,<br>expressed                                                                        |                             |                                             |
| LOC100272543 | 100272543 | 8  | <i>O. sativa</i>             | 2.91E-33  | LOC_Os08g39390                   | ZOS8-10 - C2H2 zinc finger protein,                                                                                     |                             |                                             |

|              |           |   |                              |           |                                  |                                                        |                             |                                                   |
|--------------|-----------|---|------------------------------|-----------|----------------------------------|--------------------------------------------------------|-----------------------------|---------------------------------------------------|
|              |           |   | v7.0                         |           | (PAC:33107059)                   | expressed                                              |                             |                                                   |
| LOC100272543 | 100272543 | 9 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.83E-143 | LOC_Os09g31140<br>(PAC:33143480) | ZOS9-16 - C2H2 zinc finger protein,<br>expressed       |                             |                                                   |
| LOC100272543 | 100272543 | 9 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.90E-138 | LOC_Os09g31140<br>(PAC:33143480) | ZOS9-16 - C2H2 zinc finger protein,<br>expressed       |                             |                                                   |
| LOC100272543 | 100272543 | 9 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.32E-113 | LOC_Os09g31140<br>(PAC:33143480) | ZOS9-16 - C2H2 zinc finger protein,<br>expressed       |                             |                                                   |
| LOC100272543 | 100272543 | 9 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.61E-37  | LOC_Os09g31140<br>(PAC:33143480) | ZOS9-16 - C2H2 zinc finger protein,<br>expressed       |                             |                                                   |
| LOC100272543 | 100272543 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.91E-119 | LOC_Os02g10240<br>(PAC:33140395) | ZOS2-05 - C2H2 zinc finger protein,<br>expressed       |                             |                                                   |
| LOC100272543 | 100272543 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.87E-116 | LOC_Os01g63980<br>(PAC:33122555) | ZOS1-17 - C2H2 zinc finger protein,<br>expressed       |                             |                                                   |
| LOC100272543 | 100272543 | 5 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.60E-113 | LOC_Os05g37190<br>(PAC:33157028) | ZOS5-08 - C2H2 zinc finger protein,<br>expressed       |                             |                                                   |
| LOC100272543 | 100272543 | 3 | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 5.99E-61  |                                  |                                                        | AT3G20880<br>(PAC:19660725) | WIP domain protein 4                              |
| LOC100272543 | 100272543 | 1 | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 6.41E-48  |                                  |                                                        | AT1G08290<br>(PAC:19653681) | WIP domain protein 3                              |
| LOC100272543 | 100272543 | 1 | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 4.61E-37  |                                  |                                                        | AT1G34790<br>(PAC:19655625) | C2H2 and C2HC zinc fingers<br>superfamily protein |
| LOC100272543 | 100272543 | 1 | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 2.91E-33  |                                  |                                                        | AT1G51220<br>(PAC:19651700) | WIP domain protein 5                              |
| LOC100272755 | 100272755 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.83E-63  | LOC_Os02g38300<br>(PAC:33139728) | SNF7 domain containing protein, putative,<br>expressed |                             |                                                   |
| LOC100273080 | 100273080 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os01g27990<br>(PAC:33124553) | NPL4, putative, expressed                              |                             |                                                   |
| LOC100273080 | 100273080 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.77E-47  | LOC_Os01g27990<br>(PAC:33124553) | NPL4, putative, expressed                              |                             |                                                   |
| LOC100273080 | 100273080 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.96E-34  | LOC_Os01g27990<br>(PAC:33124553) | NPL4, putative, expressed                              |                             |                                                   |
| LOC100273080 | 100273080 | 2 | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 3.36E-84  |                                  |                                                        | AT2G47970<br>(PAC:19639283) | Nuclear pore localisation<br>protein NPL4         |
| LOC100273080 | 100273080 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.37E-46  | LOC_Os08g10620<br>(PAC:33105866) | expressed protein                                      |                             |                                                   |
| LOC100273080 | 100273080 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.64E-37  | LOC_Os07g33080<br>(PAC:33115728) | expressed protein                                      |                             |                                                   |
| LOC100273371 | 100273371 | 1 | <i>O. sativa</i>             | 0         | LOC_Os01g42520                   | expressed protein                                      |                             |                                                   |

|              |           |   | v7.0                     | (PAC:33121982) |                                  |                                                 |
|--------------|-----------|---|--------------------------|----------------|----------------------------------|-------------------------------------------------|
| LOC100273371 | 100273371 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.45E-131      | LOC_Os04g41740<br>(PAC:33112471) | expressed protein                               |
| LOC100273371 | 100273371 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.15E-110      | LOC_Os04g41740<br>(PAC:33112471) | expressed protein                               |
| LOC100273371 | 100273371 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.52E-110      | LOC_Os04g41740<br>(PAC:33112471) | expressed protein                               |
| LOC100273371 | 100273371 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.89E-98       | LOC_Os04g41740<br>(PAC:33112471) | expressed protein                               |
| LOC100273371 | 100273371 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.75E-68       | LOC_Os02g11040<br>(PAC:33139956) | expressed protein                               |
| LOC100273371 | 100273371 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.76E-49       | LOC_Os02g11040<br>(PAC:33139956) | expressed protein                               |
| LOC100273371 | 100273371 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.79E-67       | LOC_Os03g21130<br>(PAC:33127730) | expressed protein                               |
| LOC100273371 | 100273371 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.63E-52       | LOC_Os07g04050<br>(PAC:33116268) | expressed protein                               |
| LOC100273371 | 100273371 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.20E-37       | LOC_Os07g10620<br>(PAC:33118369) | expressed protein                               |
| LOC100273577 | 100273577 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0              | LOC_Os03g04660<br>(PAC:33128468) | cytochrome P450 86A1, putative,<br>expressed    |
| LOC100273577 | 100273577 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0              | LOC_Os03g04660<br>(PAC:33128468) | cytochrome P450 86A1, putative,<br>expressed    |
| LOC100273577 | 100273577 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0              | LOC_Os03g04660<br>(PAC:33128468) | cytochrome P450 86A1, putative,<br>expressed    |
| LOC100273577 | 100273577 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 8.22E-162      | LOC_Os03g04660<br>(PAC:33128468) | cytochrome P450 86A1, putative,<br>expressed    |
| LOC100273577 | 100273577 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.81E-138      | LOC_Os03g04660<br>(PAC:33128468) | cytochrome P450 86A1, putative,<br>expressed    |
| LOC100273577 | 100273577 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.76E-125      | LOC_Os03g04530<br>(PAC:33133798) | cytochrome P450, putative, expressed            |
| LOC100273577 | 100273577 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.59E-88       | LOC_Os01g08800<br>(PAC:33122380) | cytochrome P450, putative, expressed            |
| LOC100273577 | 100273577 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.35E-62       | LOC_Os08g16320<br>(PAC:33107054) | cytochrome P450 protein, putative,<br>expressed |
| LOC100273577 | 100273577 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.70E-60       | LOC_Os08g16260<br>(PAC:33104359) | cytochrome P450 protein, putative,<br>expressed |
| LOC100273577 | 100273577 | 8 | <i>O. sativa</i>         | 6.78E-49       | LOC_Os08g16430                   | phytochrome P450, putative, expressed           |

|              |           |    |                              |           |                                  |                                                                                   |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|----------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------|
|              |           |    | v7.0                         |           | (PAC:33103240)                   |                                                                                   |
| LOC100273577 | 100273577 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.88E-47  | LOC_Os05g08850<br>(PAC:33159153) | cytochrome P450, putative, expressed                                              |
| LOC100273700 | 100273700 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.05E-81  | LOC_Os05g36270<br>(PAC:33156932) | fructose-1,6-bisphosphatase, putative,<br>expressed                               |
| LOC100273700 | 100273700 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.98E-60  | LOC_Os01g64660<br>(PAC:33121760) | fructose-1,6-bisphosphatase, putative,<br>expressed                               |
| LOC100273721 | 100273721 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.43E-112 | LOC_Os03g63470<br>(PAC:33131222) | retrotransposon protein, putative,<br>unclassified, expressed                     |
| LOC100273721 | 100273721 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.60E-61  | LOC_Os06g21099<br>(PAC:33149507) | expressed protein                                                                 |
| LOC100273721 | 100273721 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.03E-45  | LOC_Os08g40080<br>(PAC:33102689) | expressed protein                                                                 |
| LOC100273730 | 100273730 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.14E-61  | LOC_Os07g26940<br>(PAC:33115852) | ORM1, putative, expressed                                                         |
| LOC100273730 | 100273730 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.14E-42  | LOC_Os04g47970<br>(PAC:33110349) | ORM1, putative, expressed                                                         |
| LOC100273730 | 100273730 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.91E-40  | LOC_Os02g45180<br>(PAC:33137344) | ORM1, putative, expressed                                                         |
| LOC100273811 | 100273811 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.15E-32  | LOC_Os02g09820<br>(PAC:33134890) | zinc finger, C3HC4 type domain<br>containing protein, expressed                   |
| LOC100273889 | 100273889 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os07g39560<br>(PAC:33118764) | RNA recognition motif containing protein,<br>putative, expressed                  |
| LOC100273889 | 100273889 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.06E-87  | LOC_Os11g41890<br>(PAC:33161692) | RNA recognition motif containing protein,<br>putative, expressed                  |
| LOC100273889 | 100273889 | 3  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 1.37E-58  |                                  | AT3G07810<br>(PAC:19660828) RNA-binding<br>(RRM/RBD/RNP motifs)<br>family protein |
| LOC100273889 | 100273889 | 5  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 5.81E-57  |                                  | AT5G47620<br>(PAC:19667595) RNA-binding<br>(RRM/RBD/RNP motifs)<br>family protein |
| LOC100273889 | 100273889 | 5  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 1.20E-46  |                                  | AT5G55550<br>(PAC:19670982) RNA-binding<br>(RRM/RBD/RNP motifs)<br>family protein |
| LOC100273889 | 100273889 | 4  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 2.64E-42  |                                  | AT4G26650<br>(PAC:19646623) RNA-binding<br>(RRM/RBD/RNP motifs)<br>family protein |
| LOC100273889 | 100273889 | 10 | <i>O. sativa</i>             | 7.08E-37  | LOC_Os10g33230                   | RNA recognition motif containing protein,                                         |

|              |           |   |                          |           |                                  |                                                                                          |
|--------------|-----------|---|--------------------------|-----------|----------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------|
|              |           |   | v7.0                     |           | (PAC:33101061)                   | putative, expressed                                                                      |
| LOC100274066 | 100274066 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.93E-117 | LOC_Os02g52300<br>(PAC:33138811) | CPuORF38 - conserved peptide uORF-<br>containing transcript, expressed                   |
| LOC100274175 | 100274175 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.38E-58  | LOC_Os02g01270<br>(PAC:33135717) | START domain containing protein,<br>expressed                                            |
| LOC100274175 | 100274175 | 9 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.24E-40  | LOC_Os09g02040<br>(PAC:33144157) | expressed protein                                                                        |
| LOC100274175 | 100274175 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.31E-36  | LOC_Os06g02590<br>(PAC:33149777) | DUF1336 domain containing protein,<br>expressed                                          |
| LOC100274247 | 100274247 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.32E-95  | LOC_Os04g39660<br>(PAC:33108455) | OsFBDUF22 - F-box and DUF domain<br>containing protein, expressed                        |
| LOC100274247 | 100274247 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.51E-69  | LOC_Os04g39660<br>(PAC:33108455) | OsFBDUF22 - F-box and DUF domain<br>containing protein, expressed                        |
| LOC100274327 | 100274327 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.00E-45  | LOC_Os01g55700<br>(PAC:33125656) | NLI interacting factor-like phosphatase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274327 | 100274327 | 5 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.28E-32  | LOC_Os01g55700<br>(PAC:33125656) | NLI interacting factor-like phosphatase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os05g43770<br>(PAC:33155136) | NLI interacting factor-like phosphatase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.44E-82  | LOC_Os01g53460<br>(PAC:33122694) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.85E-77  | LOC_Os01g53420<br>(PAC:33120282) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.64E-75  | LOC_Os01g64910<br>(PAC:33124791) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.87E-68  | LOC_Os01g50200<br>(PAC:33125811) | UDP-glucuronosyl and UDP-glucosyl<br>transferase domain containing protein,<br>expressed |
| LOC100274555 | 100274555 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.53E-68  | LOC_Os01g53330<br>(PAC:33125680) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.78E-47  | LOC_Os01g53370<br>(PAC:33125520) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.78E-47  | LOC_Os01g53420<br>(PAC:33120282) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.17E-40  | LOC_Os01g53390<br>(PAC:33125516) | glucosyltransferase, putative, expressed                                                 |
| LOC100274555 | 100274555 | 5 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.35E-107 | LOC_Os05g45150<br>(PAC:33159864) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |

|              |           |    |                          |          |                                  |                                                                                          |
|--------------|-----------|----|--------------------------|----------|----------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------------|
| LOC100274555 | 100274555 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.53E-88 | LOC_Os05g45080<br>(PAC:33156865) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.53E-88 | LOC_Os05g45180<br>(PAC:33158603) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.11E-81 | LOC_Os05g45100<br>(PAC:33156613) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.85E-77 | LOC_Os05g45100<br>(PAC:33156613) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.96E-72 | LOC_Os05g45200<br>(PAC:33155159) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.40E-70 | LOC_Os05g45100<br>(PAC:33156613) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 9  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.64E-75 | LOC_Os09g30980<br>(PAC:33141778) | UDP-glucuronosyl and UDP-glucosyl<br>transferase domain containing protein,<br>expressed |
| LOC100274555 | 100274555 | 9  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.40E-70 | LOC_Os09g30510<br>(PAC:33142745) | glucosyl transferase, putative, expressed                                                |
| LOC100274555 | 100274555 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.96E-72 | LOC_Os10g07970<br>(PAC:33099459) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.70E-57 | LOC_Os03g62480<br>(PAC:33127529) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.28E-48 | LOC_Os06g23560<br>(PAC:33147981) | anthocyanidin 5,3-O-glucosyltransferase,<br>putative, expressed                          |
| LOC100274555 | 100274555 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.04E-33 | LOC_Os07g32060<br>(PAC:33115101) | UDP-glucuronosyl/UDP-glucosyl<br>transferase, putative, expressed                        |
| LOC100274819 | 100274819 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.28E-40 | LOC_Os06g50350<br>(PAC:33144722) | expressed protein                                                                        |
| LOC100274912 | 100274912 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0        | LOC_Os10g40040<br>(PAC:33101330) | expressed protein                                                                        |
| LOC100274912 | 100274912 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.34E-35 | LOC_Os11g18760<br>(PAC:33161438) | expressed protein                                                                        |
| LOC100274944 | 100274944 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.91E-77 | LOC_Os01g14130<br>(PAC:33119396) | expressed protein                                                                        |
| LOC100275129 | 100275129 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.06E-36 | LOC_Os01g13040<br>(PAC:33120915) | expressed protein                                                                        |
| LOC100275318 | 100275318 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.86E-86 | LOC_Os06g48680<br>(PAC:33148534) | expressed protein                                                                        |
| LOC100275449 | 100275449 | 12 | <i>O. sativa</i>         | 2.73E-78 | LOC_Os12g13130                   | ZOS12-03 - C2H2 zinc finger protein,                                                     |

|              |           |    |                          |           |                                  |                                                                  |
|--------------|-----------|----|--------------------------|-----------|----------------------------------|------------------------------------------------------------------|
|              |           |    | v7.0                     |           | (PAC:33154500)                   | expressed                                                        |
| LOC100275449 | 100275449 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.10E-35  | LOC_Os12g13130<br>(PAC:33154500) | ZOS12-03 - C2H2 zinc finger protein,<br>expressed                |
| LOC100275527 | 100275527 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os05g43460<br>(PAC:33158109) | DUF567 domain containing protein,<br>putative, expressed         |
| LOC100275527 | 100275527 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.95E-103 | LOC_Os01g56450<br>(PAC:33126715) | DUF567 domain containing protein,<br>putative, expressed         |
| LOC100275527 | 100275527 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.30E-42  | LOC_Os08g14180<br>(PAC:33105360) | flavonol sulfotransferase, putative,<br>expressed                |
| LOC100275576 | 100275576 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os08g14180<br>(PAC:33105360) | flavonol sulfotransferase, putative,<br>expressed                |
| LOC100275671 | 100275671 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.92E-77  | LOC_Os02g37610<br>(PAC:33139023) | expressed protein                                                |
| LOC100275671 | 100275671 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.87E-40  | LOC_Os04g39629<br>(PAC:33108414) | RNA recognition motif containing protein,<br>putative, expressed |
| LOC100275748 | 100275748 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.37E-31  | LOC_Os10g34030<br>(PAC:33101409) | zinc finger, C3HC4 type domain<br>containing protein, expressed  |
| LOC100275772 | 100275772 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.45E-40  | LOC_Os02g08470<br>(PAC:33135693) | expressed protein                                                |
| LOC100275797 | 100275797 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os05g42100<br>(PAC:33159914) | expressed protein                                                |
| LOC100275804 | 100275804 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.10E-95  | LOC_Os11g09040<br>(PAC:33160418) | expressed protein                                                |
| LOC100276016 | 100276016 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.08E-152 | LOC_Os01g09740<br>(PAC:33125201) | F-box/LRR-repeat protein, putative,<br>expressed                 |
| LOC100276169 | 100276169 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 8.66E-154 | LOC_Os04g45834<br>(PAC:33113187) | DUF584 domain containing protein,<br>putative, expressed         |
| LOC100276236 | 100276236 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.47E-55  | LOC_Os05g32130<br>(PAC:33159407) | expressed protein                                                |
| LOC100276273 | 100276273 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.76E-176 | LOC_Os03g25440<br>(PAC:33127296) | expressed protein                                                |
| LOC100276273 | 100276273 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.17E-36  | LOC_Os07g45080<br>(PAC:33115330) | expressed protein                                                |
| LOC100276291 | 100276291 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.79E-33  | LOC_Os10g42090<br>(PAC:33101411) | AGAP003819-PA, putative, expressed                               |
| LOC100276291 | 100276291 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.59E-32  | LOC_Os03g39380<br>(PAC:33131569) | expressed protein                                                |
| LOC100276376 | 100276376 | 5  | <i>O. sativa</i>         | 0         | LOC_Os05g38470                   | expressed protein                                                |

|              |           |    |                              |           |                                  |                                                                  |                                                |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|----------------------------------|------------------------------------------------------------------|------------------------------------------------|
|              |           |    | v7.0                         |           | (PAC:33158545)                   |                                                                  |                                                |
| LOC100276376 | 100276376 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.37E-102 | LOC_Os12g38320<br>(PAC:33150353) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100276376 | 100276376 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.29E-79  | LOC_Os04g10250<br>(PAC:33109629) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100276401 | 100276401 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.15E-112 | LOC_Os06g13220<br>(PAC:33148965) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100276521 | 100276521 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os11g26890<br>(PAC:33162226) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100276802 | 100276802 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.35E-35  | LOC_Os04g58900<br>(PAC:33110956) | hydrolase, NUDIX family, domain<br>containing protein, expressed |                                                |
| LOC100276855 | 100276855 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.93E-96  | LOC_Os06g08180<br>(PAC:33149839) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100276855 | 100276855 | 5  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 3.23E-40  |                                  | AT5G25265<br>(PAC:19665725)                                      |                                                |
| LOC100276899 | 100276899 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.82E-51  | LOC_Os03g56890<br>(PAC:33133629) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100276958 | 100276958 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.67E-59  | LOC_Os03g12720<br>(PAC:33131042) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100277035 | 100277035 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.27E-76  | LOC_Os08g08190<br>(PAC:33106557) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100277055 | 100277055 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.17E-121 | LOC_Os03g53520<br>(PAC:33132337) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100277172 | 100277172 | 9  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.06E-67  | LOC_Os09g30140<br>(PAC:33141773) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100277380 | 100277380 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.16E-161 | LOC_Os01g60110<br>(PAC:33122178) | E2F-related protein, putative, expressed                         |                                                |
| LOC100277380 | 100277380 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.53E-69  | LOC_Os12g02880<br>(PAC:33150583) | E2F-related protein, putative, expressed                         |                                                |
| LOC100277380 | 100277380 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.93E-67  | LOC_Os11g03130<br>(PAC:33161183) | E2F-related protein, putative, expressed                         |                                                |
| LOC100277402 | 100277402 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.88E-56  | LOC_Os03g45180<br>(PAC:33129486) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100277402 | 100277402 | 1  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 9.13E-48  |                                  | AT1G28760<br>(PAC:19650051)                                      | Uncharacterized conserved<br>protein (DUF2215) |
| LOC100277500 | 100277500 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.06E-69  | LOC_Os12g06130<br>(PAC:33153868) | expressed protein                                                |                                                |
| LOC100277507 | 100277507 | 1  | <i>O. sativa</i>             | 0         | LOC_Os01g53910                   | dehydrogenase, putative, expressed                               |                                                |

|              |           |   |                              |           |                                  |                                                                                       |
|--------------|-----------|---|------------------------------|-----------|----------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------------|
|              |           |   | v7.0                         |           | (PAC:33126035)                   |                                                                                       |
| LOC100277507 | 100277507 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.90E-101 | LOC_Os01g33500<br>(PAC:33119701) | 6-phosphogluconate dehydrogenase NAD-binding domain-containing protein, putative      |
| LOC100277507 | 100277507 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.31E-91  | LOC_Os02g14970<br>(PAC:33133913) | expressed protein                                                                     |
| LOC100277507 | 100277507 | 5 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.28E-56  | LOC_Os05g49070<br>(PAC:33156598) | dehydrogenase, putative, expressed                                                    |
| LOC100277564 | 100277564 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.98E-39  | LOC_Os01g14790<br>(PAC:33122850) | expressed protein                                                                     |
| LOC100277664 | 100277664 | 5 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os05g32440<br>(PAC:33158011) | expressed protein                                                                     |
| LOC100277683 | 100277683 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.50E-141 | LOC_Os01g04920<br>(PAC:33124598) | glycosyl transferase, group 1 domain containing protein, expressed                    |
| LOC100277683 | 100277683 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.24E-55  | LOC_Os07g01030<br>(PAC:33116530) | glycosyl transferase, group 1 domain containing protein, expressed                    |
| LOC100277683 | 100277683 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.94E-49  | LOC_Os03g15840<br>(PAC:33128863) | glycosyl transferase, group 1 domain containing protein, expressed                    |
| LOC100277683 | 100277683 | 5 | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 8.83E-35  |                                  | AT5G01220<br>(PAC:19669451) sulfoquinovosyldiacylglycerol<br>2                        |
| LOC100277718 | 100277718 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.87E-50  | LOC_Os04g32150<br>(PAC:33110108) | amidohydrolase family protein, expressed                                              |
| LOC100277777 | 100277777 | 5 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os05g49070<br>(PAC:33156598) | dehydrogenase, putative, expressed                                                    |
| LOC100277777 | 100277777 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.37E-76  | LOC_Os01g53910<br>(PAC:33126035) | dehydrogenase, putative, expressed                                                    |
| LOC100277794 | 100277794 | 9 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.77E-72  | LOC_Os09g36850<br>(PAC:33142079) | expressed protein                                                                     |
| LOC100277822 | 100277822 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.14E-37  | LOC_Os02g01450<br>(PAC:33138024) | expressed protein                                                                     |
| LOC100277858 | 100277858 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.40E-36  | LOC_Os02g34730<br>(PAC:33135993) | transposon protein, putative, Mariner subclass, expressed                             |
| LOC100277880 | 100277880 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.46E-36  | LOC_Os08g02630<br>(PAC:33106657) | photosystem II core complex proteins psbY, chloroplast precursor, putative, expressed |
| LOC100277950 | 100277950 | 5 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.57E-78  | LOC_Os05g06280<br>(PAC:33154806) | ATKINESIN-13A/KINESIN-13A, putative, expressed                                        |

|              |           |    |                              |           |                                  |                             |                                                                                 |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|----------------------------------|-----------------------------|---------------------------------------------------------------------------------|
| LOC100277950 | 100277950 | 2  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 3.19E-31  |                                  | AT2G47580<br>(PAC:19640066) | spliceosomal protein U1A                                                        |
| LOC100278056 | 100278056 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.83E-128 | LOC_Os01g07150<br>(PAC:33123728) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278056 | 100278056 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 9.50E-50  | LOC_Os01g61110<br>(PAC:33123279) |                             | ulp1 protease family, C-terminal catalytic domain containing protein, expressed |
| LOC100278056 | 100278056 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.60E-79  | LOC_Os04g53840<br>(PAC:33113342) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278056 | 100278056 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.31E-73  | LOC_Os11g32460<br>(PAC:33164169) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278056 | 100278056 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.79E-70  | LOC_Os05g07240<br>(PAC:33159626) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278056 | 100278056 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.55E-44  | LOC_Os05g39710<br>(PAC:33158585) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278056 | 100278056 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.31E-68  | LOC_Os03g32610<br>(PAC:33133418) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278056 | 100278056 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.80E-51  | LOC_Os03g18660<br>(PAC:33132505) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278071 | 100278071 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.76E-85  | LOC_Os06g33710<br>(PAC:33145623) |                             | spermidine synthase, putative, expressed                                        |
| LOC100278071 | 100278071 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 9.46E-84  | LOC_Os06g35530<br>(PAC:33147428) |                             | CGMC_GSK.8 - CGMC includes CDA, MAPK, GSK3, and CLKC kinases, expressed         |
| LOC100278071 | 100278071 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.32E-56  | LOC_Os07g22580<br>(PAC:33118268) |                             | rhoGAP domain containing protein, expressed                                     |
| LOC100278071 | 100278071 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.23E-31  | LOC_Os07g22580<br>(PAC:33118268) |                             | rhoGAP domain containing protein, expressed                                     |
| LOC100278071 | 100278071 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.30E-53  | LOC_Os08g27700<br>(PAC:33104838) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278071 | 100278071 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.41E-24  | LOC_Os08g27700<br>(PAC:33104838) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278071 | 100278071 | 5  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 2.38E-34  |                                  | AT5G38060<br>(PAC:19665670) |                                                                                 |
| LOC100278201 | 100278201 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.12E-137 | LOC_Os11g05530<br>(PAC:33161071) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278201 | 100278201 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.77E-122 | LOC_Os12g05770<br>(PAC:33152079) |                             | expressed protein                                                               |
| LOC100278279 | 100278279 | 6  | <i>O. sativa</i>             | 1.36E-95  | LOC_Os06g06280                   |                             | galactosyltransferase family protein,                                           |

|              |           |   |                          |           |                                  |                                                                                                                                         |
|--------------|-----------|---|--------------------------|-----------|----------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
|              |           |   | v7.0                     |           | (PAC:33148466)                   | putative, expressed                                                                                                                     |
| LOC100278318 | 100278318 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.40E-52  | LOC_Os01g67730<br>(PAC:33126088) | 1-5-phosphoribosyl-5-5-phosphoribosylaminomethylideneaminoimidazole-4-carboxamide isomerase, chloroplast precursor, putative, expressed |
| LOC100278318 | 100278318 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.23E-40  | LOC_Os02g10430<br>(PAC:33138359) | 1-5-phosphoribosyl-5-5-phosphoribosylaminomethylideneaminoimidazole-4-carboxamide isomerase, chloroplast precursor, putative, expressed |
| LOC100278328 | 100278328 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.09E-67  | LOC_Os08g16559<br>(PAC:33103912) | expressed protein                                                                                                                       |
| LOC100278460 | 100278460 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.45E-58  | LOC_Os01g37920<br>(PAC:33125123) | expressed protein                                                                                                                       |
| LOC100278542 | 100278542 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.19E-94  | LOC_Os01g56235<br>(PAC:33120246) | expressed protein                                                                                                                       |
| LOC100278628 | 100278628 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.63E-94  | LOC_Os03g15080<br>(PAC:33129902) | expressed protein                                                                                                                       |
| LOC100278628 | 100278628 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.58E-53  | LOC_Os01g15060<br>(PAC:33120590) | expressed protein                                                                                                                       |
| LOC100278628 | 100278628 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.36E-42  | LOC_Os01g15100<br>(PAC:33126456) | expressed protein                                                                                                                       |
| LOC100278657 | 100278657 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.83E-55  | LOC_Os01g42800<br>(PAC:33121619) | MEE18, putative, expressed                                                                                                              |
| LOC100278838 | 100278838 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os02g56480<br>(PAC:33134353) | PB1 domain containing protein, expressed                                                                                                |
| LOC100278862 | 100278862 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.08E-56  | LOC_Os04g58330<br>(PAC:33109931) | expressed protein                                                                                                                       |
| LOC100278901 | 100278901 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.95E-167 | LOC_Os02g50940<br>(PAC:33139807) | NHL repeat-containing protein, putative, expressed                                                                                      |
| LOC100278901 | 100278901 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.97E-91  | LOC_Os06g12660<br>(PAC:33148036) | NHL repeat-containing protein, putative, expressed                                                                                      |
| LOC100279239 | 100279239 | 5 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.19E-46  | LOC_Os05g50970<br>(PAC:33155602) | protein phosphatase 2C, putative, expressed                                                                                             |
| LOC100279239 | 100279239 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.27E-33  | LOC_Os01g43100<br>(PAC:33122115) | protein phosphatase 2C, putative, expressed                                                                                             |
| LOC100279249 | 100279249 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.69E-127 | LOC_Os03g21960<br>(PAC:33128023) | aminotransferase, putative, expressed                                                                                                   |
| LOC100279249 | 100279249 | 5 | <i>O. sativa</i>         | 1.44E-38  | LOC_Os05g39770                   | aminotransferase, putative, expressed                                                                                                   |

|              |           |   |                              |           |                                  |                                                                                              |                                             |
|--------------|-----------|---|------------------------------|-----------|----------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------|
|              |           |   | v7.0                         |           | (PAC:33155669)                   |                                                                                              |                                             |
| LOC100279259 | 100279259 | 5 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 9.04E-105 | LOC_Os05g49380<br>(PAC:33156364) | OsDegp9 - Putative Deg protease<br>homologue, expressed                                      |                                             |
| LOC100279259 | 100279259 | 3 | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 6.97E-43  |                                  |                                                                                              | AT3G27925<br>(PAC:19659506) DegP protease 1 |
| LOC100279324 | 100279324 | 9 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.27E-154 | LOC_Os09g20980<br>(PAC:33142215) | RING-H2 finger protein, putative,<br>expressed                                               |                                             |
| LOC100279324 | 100279324 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.35E-43  | LOC_Os06g07100<br>(PAC:33149216) | RING-H2 finger protein, putative,<br>expressed                                               |                                             |
| LOC100279324 | 100279324 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.31E-32  | LOC_Os06g07100<br>(PAC:33149216) | RING-H2 finger protein, putative,<br>expressed                                               |                                             |
| LOC100279324 | 100279324 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.57E-32  | LOC_Os03g08920<br>(PAC:33128809) | Zinc finger, C3HC4 type domain<br>containing protein, expressed                              |                                             |
| LOC100279324 | 100279324 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.60E-31  | LOC_Os08g34550<br>(PAC:33105372) | RING-H2 finger protein, putative,<br>expressed                                               |                                             |
| LOC100279366 | 100279366 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.40E-39  | LOC_Os03g48390<br>(PAC:33132345) | expressed protein                                                                            |                                             |
| LOC100279423 | 100279423 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.76E-34  | LOC_Os08g37990<br>(PAC:33103589) | expressed protein                                                                            |                                             |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.00E-164 | LOC_Os07g35280<br>(PAC:33113626) | TKL_IRAK_DUF26-lc.1 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |                                             |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.97E-143 | LOC_Os07g35260<br>(PAC:33114432) | TKL_IRAK_DUF26-lc.9 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |                                             |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.11E-91  | LOC_Os07g35660<br>(PAC:33118387) | TKL_IRAK_DUF26-lc.21 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |                                             |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.75E-89  | LOC_Os07g35280<br>(PAC:33113626) | TKL_IRAK_DUF26-lc.1 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |                                             |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.45E-77  | LOC_Os07g35680<br>(PAC:33115015) | TKL_IRAK_DUF26-lc.22 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed |                                             |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.27E-65  | LOC_Os07g35580<br>(PAC:33117146) | TKL_IRAK_DUF26-lc.20 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |                                             |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i>             | 5.39E-64  | LOC_Os07g35280                   | TKL_IRAK_DUF26-lc.1 - DUF26 kinases                                                          |                                             |

|              |           |   |                          |          |                                  |                                                                                              |
|--------------|-----------|---|--------------------------|----------|----------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------|
|              |           |   | v7.0                     |          | (PAC:33113626)                   | have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed                                         |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 8.00E-62 | LOC_Os07g35690<br>(PAC:33118300) | TKL_IRAK_DUF26-lc.3 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.15E-56 | LOC_Os07g35280<br>(PAC:33113626) | TKL_IRAK_DUF26-lc.1 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.19E-54 | LOC_Os07g35680<br>(PAC:33115015) | TKL_IRAK_DUF26-lc.22 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.35E-52 | LOC_Os07g35730<br>(PAC:33115421) | TKL_IRAK_DUF26-lc.23 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.73E-52 | LOC_Os07g35580<br>(PAC:33117146) | TKL_IRAK_DUF26-lc.20 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.76E-51 | LOC_Os07g35260<br>(PAC:33114432) | TKL_IRAK_DUF26-lc.9 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.98E-48 | LOC_Os07g35260<br>(PAC:33114432) | TKL_IRAK_DUF26-lc.9 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.27E-46 | LOC_Os07g35260<br>(PAC:33114432) | TKL_IRAK_DUF26-lc.9 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.88E-44 | LOC_Os07g35310<br>(PAC:33116867) | TKL_IRAK_DUF26-lc.12 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.88E-44 | LOC_Os07g35690<br>(PAC:33118300) | TKL_IRAK_DUF26-lc.3 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.57E-44 | LOC_Os07g35580<br>(PAC:33117146) | TKL_IRAK_DUF26-lc.20 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.29E-43 | LOC_Os07g35650<br>(PAC:33114910) | TKL_IRAK_DUF26-lc.2 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |

|              |           |    |                          |          |                                  |                                                                                              |
|--------------|-----------|----|--------------------------|----------|----------------------------------|----------------------------------------------------------------------------------------------|
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.29E-43 | LOC_Os07g35660<br>(PAC:33118387) | TKL_IRAK_DUF26-lc.21 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.80E-42 | LOC_Os07g35700<br>(PAC:33114619) | TKL_IRAK_DUF26-lc.4 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.41E-41 | LOC_Os07g35640<br>(PAC:33116786) | expressed protein                                                                            |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.15E-40 | LOC_Os07g35730<br>(PAC:33115421) | TKL_IRAK_DUF26-lc.23 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.15E-37 | LOC_Os07g35790<br>(PAC:33118101) | TKL_IRAK_DUF26-lc.5 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.50E-37 | LOC_Os07g35650<br>(PAC:33114910) | TKL_IRAK_DUF26-lc.2 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.50E-37 | LOC_Os07g35700<br>(PAC:33114619) | TKL_IRAK_DUF26-lc.4 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.19E-35 | LOC_Os07g43560<br>(PAC:33116893) | TKL_IRAK_DUF26-lc.24 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.11E-34 | LOC_Os07g35790<br>(PAC:33118101) | TKL_IRAK_DUF26-lc.5 - DUF26 kinases<br>have homology to DUF26 containing loci,<br>expressed  |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.11E-34 | LOC_Os07g43560<br>(PAC:33116893) | TKL_IRAK_DUF26-lc.24 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.36E-33 | LOC_Os07g35630<br>(PAC:33113836) | retrotransposon protein, putative, Ty3-<br>gypsy subclass, expressed                         |
| LOC100279471 | 100279471 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.02E-31 | LOC_Os07g43560<br>(PAC:33116893) | TKL_IRAK_DUF26-lc.24 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.43E-46 | LOC_Os07g43560<br>(PAC:33116893) | TKL_IRAK_DUF26-lc.24 - DUF26<br>kinases have homology to DUF26<br>containing loci, expressed |
| LOC100279471 | 100279471 | 11 | <i>O. sativa</i>         | 1.55E-45 | LOC_Os11g34610                   | TKL_IRAK_DUF26-lc.28 - DUF26                                                                 |

|              |           |    |                              |           |                                  |                                                                                                                   |                             |                                  |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|----------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------|----------------------------------|
|              |           |    | v7.0                         |           | (PAC:33160733)                   | kinases have homology to DUF26 containing loci, expressed                                                         |                             |                                  |
| LOC100279471 | 100279471 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.50E-37  | LOC_Os11g34660<br>(PAC:33163803) | LTPL98 - Protease inhibitor/seed storage/LTP family protein precursor, expressed                                  |                             |                                  |
| LOC100279471 | 100279471 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.89E-34  | LOC_Os11g34660<br>(PAC:33163803) | LTPL98 - Protease inhibitor/seed storage/LTP family protein precursor, expressed                                  |                             |                                  |
| LOC100279471 | 100279471 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.57E-44  | LOC_Os10g04720<br>(PAC:33098898) | TKL_IRAK_DUF26-la.5 - DUF26 kinases have homology to DUF26 containing loci, expressed                             |                             |                                  |
| LOC100279525 | 100279525 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os06g38550<br>(PAC:33147262) | expressed protein                                                                                                 |                             |                                  |
| LOC100279525 | 100279525 | 3  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 4.04E-72  |                                  |                                                                                                                   | AT3G28720<br>(PAC:19660049) |                                  |
| LOC100279714 | 100279714 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.60E-92  | LOC_Os01g67290<br>(PAC:33124801) | cyclin-related protein, putative, expressed                                                                       |                             |                                  |
| LOC100279717 | 100279717 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os10g27230<br>(PAC:33101988) | endonuclease/exonuclease/phosphatase family domain containing protein, expressed                                  |                             |                                  |
| LOC100279717 | 100279717 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os03g07080<br>(PAC:33128451) | endonuclease/exonuclease/phosphatase family domain containing protein, expressed                                  |                             |                                  |
| LOC100279717 | 100279717 | 3  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 1.26E-34  |                                  |                                                                                                                   | AT3G58580<br>(PAC:19660692) | DNAse I-like superfamily protein |
| LOC100279753 | 100279753 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.58E-88  | LOC_Os05g14590<br>(PAC:33156980) | MCM6 - Putative minichromosome maintenance MCM complex subunit 6, expressed                                       |                             |                                  |
| LOC100279753 | 100279753 | 5  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 1.63E-46  | LOC_Os05g14590<br>(PAC:33156980) | MCM6 - Putative minichromosome maintenance MCM complex subunit 6, expressed                                       |                             |                                  |
| LOC100279761 | 100279761 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.31E-62  | LOC_Os03g39740<br>(PAC:33131971) | expressed protein                                                                                                 |                             |                                  |
| LOC100279862 | 100279862 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os03g23935<br>(PAC:33127173) | WD domain, G-beta repeat domain containing protein, expressed                                                     |                             |                                  |
| LOC100279862 | 100279862 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.99E-105 | LOC_Os01g42400<br>(PAC:33123653) | STE_MEK_ste7_MAP2K.3 - STE kinases include homologs to sterile 7, sterile 11 and sterile 20 from yeast, expressed |                             |                                  |

|              |           |    |                              |           |                                  |                                                                                                                   |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|----------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| LOC100279862 | 100279862 | 2  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 4.37E-58  |                                  |                                                                                                                   |
| LOC100279862 | 100279862 | 2  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 1.43E-51  |                                  | AT2G41500<br>(PAC:19643546) WD-40 repeat family protein /<br>small nuclear<br>ribonucleoprotein Prp4p-<br>related |
| LOC100279862 | 100279862 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.95E-41  | LOC_Os08g13480<br>(PAC:33103506) | expressed protein                                                                                                 |
| LOC100279863 | 100279863 | 9  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.06E-118 | LOC_Os09g11440<br>(PAC:33140617) | expressed protein                                                                                                 |
| LOC100279942 | 100279942 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.03E-70  | LOC_Os01g10790<br>(PAC:33126445) | WD domain, G-beta repeat domain<br>containing protein, expressed                                                  |
| LOC100280005 | 100280005 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os12g06650<br>(PAC:33150859) | tetratricopeptide-like helical, putative,<br>expressed                                                            |
| LOC100280049 | 100280049 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.15E-31  | LOC_Os05g41640<br>(PAC:33157729) | phosphoglycerate kinase protein, putative,<br>expressed                                                           |
| LOC100280100 | 100280100 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os03g05780<br>(PAC:33129926) | 4-coumarate--CoA ligase-like 7, putative,<br>expressed                                                            |
| LOC100280100 | 100280100 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.04E-36  | LOC_Os03g04000<br>(PAC:33129307) | AMP-binding domain containing protein,<br>expressed                                                               |
| LOC100280100 | 100280100 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.07E-32  | LOC_Os03g05780<br>(PAC:33129926) | 4-coumarate--CoA ligase-like 7, putative,<br>expressed                                                            |
| LOC100280100 | 100280100 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.89E-65  | LOC_Os11g09940<br>(PAC:33160346) | expressed protein                                                                                                 |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.60E-165 | LOC_Os07g46830<br>(PAC:33116193) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                                                    |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.54E-135 | LOC_Os07g46970<br>(PAC:33114021) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                                                    |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.44E-130 | LOC_Os07g46930<br>(PAC:33117276) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                                                    |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.03E-130 | LOC_Os07g40250<br>(PAC:33116453) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                                                    |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.51E-121 | LOC_Os07g46910<br>(PAC:33118434) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                                                    |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.97E-120 | LOC_Os07g46970<br>(PAC:33114021) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                                                    |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.03E-111 | LOC_Os07g46920<br>(PAC:33116264) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                                                    |

|              |           |    |                              |           |                                  |                                                                                |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|----------------------------------|--------------------------------------------------------------------------------|
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.79E-76  | LOC_Os07g46870<br>(PAC:33115345) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                 |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.40E-75  | LOC_Os07g46860<br>(PAC:33115089) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                 |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.61E-70  | LOC_Os07g46846<br>(PAC:33115969) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                 |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.75E-66  | LOC_Os07g46920<br>(PAC:33116264) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                 |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.98E-63  | LOC_Os07g46846<br>(PAC:33115969) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                 |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.04E-43  | LOC_Os07g46920<br>(PAC:33116264) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                 |
| LOC100280106 | 100280106 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.19E-36  | LOC_Os07g49120<br>(PAC:33116445) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                 |
| LOC100280106 | 100280106 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.87E-87  | LOC_Os12g16010<br>(PAC:33151407) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                 |
| LOC100280106 | 100280106 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.35E-67  | LOC_Os03g61740<br>(PAC:33133382) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                 |
| LOC100280106 | 100280106 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.98E-63  | LOC_Os12g16010<br>(PAC:33151407) | sex determination protein tasselseed-2,<br>putative, expressed                 |
| LOC100280165 | 100280165 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.84E-76  | LOC_Os01g53720<br>(PAC:33122506) | expressed protein                                                              |
| LOC100280323 | 100280323 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.27E-119 | LOC_Os02g49800<br>(PAC:33139688) | eukaryotic aspartyl protease domain<br>containing protein, expressed           |
| LOC100280323 | 100280323 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.04E-46  | LOC_Os06g15760<br>(PAC:33147517) | eukaryotic aspartyl protease domain<br>containing protein, expressed           |
| LOC100280368 | 100280368 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.67E-80  | LOC_Os01g49340<br>(PAC:33124417) | arginine/serine-rich coiled-coil protein 1,<br>putative, expressed             |
| LOC100280415 | 100280415 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.14E-50  | LOC_Os07g29600<br>(PAC:33118641) | zinc finger, C3HC4 type, domain<br>containing protein, expressed               |
| LOC100280497 | 100280497 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os03g10990<br>(PAC:33127942) | retinoblastoma-binding protein-like,<br>putative, expressed                    |
| LOC100280497 | 100280497 | 3  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 3.64E-97  |                                  | AT3G21060<br>(PAC:19658731) Transducin/WD40 repeat-like<br>superfamily protein |
| LOC100280586 | 100280586 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.07E-161 | LOC_Os07g09670<br>(PAC:33118714) | galactosyltransferase family protein,<br>putative, expressed                   |
| LOC100280586 | 100280586 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.94E-55  | LOC_Os07g09670<br>(PAC:33118714) | galactosyltransferase family protein,<br>putative, expressed                   |

|              |           |    |                          |           |                                  |                                                              |
|--------------|-----------|----|--------------------------|-----------|----------------------------------|--------------------------------------------------------------|
| LOC100280586 | 100280586 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.83E-41  | LOC_Os07g09670<br>(PAC:33118714) | galactosyltransferase family protein,<br>putative, expressed |
| LOC100280586 | 100280586 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.03E-73  | LOC_Os03g58900<br>(PAC:33126952) | galactosyltransferase family protein,<br>putative, expressed |
| LOC100280586 | 100280586 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.91E-31  | LOC_Os03g48610<br>(PAC:33127901) | galactosyltransferase family protein,<br>putative, expressed |
| LOC100280586 | 100280586 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.93E-38  | LOC_Os12g41956<br>(PAC:33153877) | galactosyltransferase family protein,<br>putative, expressed |
| LOC100280824 | 100280824 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.35E-123 | LOC_Os06g35520<br>(PAC:33145416) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 8.39E-116 | LOC_Os06g35480<br>(PAC:33147638) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.86E-91  | LOC_Os06g35490<br>(PAC:33148964) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.90E-60  | LOC_Os06g32960<br>(PAC:33146146) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.58E-57  | LOC_Os06g32980<br>(PAC:33148525) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.94E-39  | LOC_Os06g32990<br>(PAC:33144459) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.36E-37  | LOC_Os06g33090<br>(PAC:33146007) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.93E-115 | LOC_Os02g14430<br>(PAC:33137443) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.57E-103 | LOC_Os02g14440<br>(PAC:33139525) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.64E-100 | LOC_Os02g14180<br>(PAC:33134988) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.25E-94  | LOC_Os02g14460<br>(PAC:33136926) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.11E-66  | LOC_Os02g14160<br>(PAC:33135874) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.85E-54  | LOC_Os02g14170<br>(PAC:33135498) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.91E-41  | LOC_Os02g14430<br>(PAC:33137443) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |
| LOC100280824 | 100280824 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.17E-31  | LOC_Os02g14160<br>(PAC:33135874) | peroxidase precursor, putative, expressed                    |

|              |           |    |                          |           |                                  |                                                                            |
|--------------|-----------|----|--------------------------|-----------|----------------------------------|----------------------------------------------------------------------------|
| LOC100280824 | 100280824 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.17E-31  | LOC_Os02g14460<br>(PAC:33136926) | peroxidase precursor, putative, expressed                                  |
| LOC100280824 | 100280824 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.13E-64  | LOC_Os01g10850<br>(PAC:33123575) | peroxidase precursor, putative, expressed                                  |
| LOC100280824 | 100280824 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.62E-61  | LOC_Os07g47990<br>(PAC:33114778) | peroxidase precursor, putative, expressed                                  |
| LOC100280824 | 100280824 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.03E-38  | LOC_Os07g48010<br>(PAC:33117965) | peroxidase precursor, putative, expressed                                  |
| LOC100280824 | 100280824 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.43E-30  | LOC_Os07g44460<br>(PAC:33117308) | peroxidase precursor, putative, expressed                                  |
| LOC100280824 | 100280824 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.62E-61  | LOC_Os04g55740<br>(PAC:33111112) | peroxidase precursor, putative, expressed                                  |
| LOC100280824 | 100280824 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 8.42E-40  | LOC_Os03g22020<br>(PAC:33128153) | peroxidase precursor, putative, expressed                                  |
| LOC100280824 | 100280824 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.25E-37  | LOC_Os03g22010<br>(PAC:33132956) | peroxidase precursor, putative, expressed                                  |
| LOC100280824 | 100280824 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.31E-36  | LOC_Os03g32050<br>(PAC:33130518) | peroxidase precursor, putative, expressed                                  |
| LOC100281016 | 100281016 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.65E-52  | LOC_Os11g30500<br>(PAC:33162782) | HVA22, putative, expressed                                                 |
| LOC100281016 | 100281016 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 8.55E-31  | LOC_Os08g36440<br>(PAC:33105286) | HVA22, putative, expressed                                                 |
| LOC100281298 | 100281298 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.43E-59  | LOC_Os02g16880<br>(PAC:33133947) | protein of unknown function DUF502<br>domain containing protein, expressed |
| LOC100281298 | 100281298 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.54E-36  | LOC_Os05g45280<br>(PAC:33157327) | protein of unknown function DUF502<br>domain containing protein, expressed |
| LOC100281394 | 100281394 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.28E-84  | LOC_Os04g25570<br>(PAC:33108270) | protein phosphatase 2C, putative,<br>expressed                             |
| LOC100281394 | 100281394 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.93E-53  | LOC_Os02g27220<br>(PAC:33139431) | protein phosphatase 2C, putative,<br>expressed                             |
| LOC100281422 | 100281422 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.38E-109 | LOC_Os03g59680<br>(PAC:33131239) | PAPA-1-like conserved region family<br>protein, expressed                  |
| LOC100281458 | 100281458 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os10g42190<br>(PAC:33099164) | leucine rich repeat containing protein,<br>expressed                       |
| LOC100281458 | 100281458 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.03E-43  | LOC_Os10g25210<br>(PAC:33099551) | OsFBX384 - F-box domain containing<br>protein, expressed                   |
| LOC100281537 | 100281537 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os01g62800<br>(PAC:33121515) | methyltransferase, putative, expressed                                     |

|              |           |    |                              |           |                                  |                                                                             |                                                                                 |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|----------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------|---------------------------------------------------------------------------------|
| LOC100281537 | 100281537 | 2  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 8.75E-62  |                                  | AT2G39750<br>(PAC:19642395)                                                 | S-adenosyl-L-methionine-<br>dependent methyltransferases<br>superfamily protein |
| LOC100281537 | 100281537 | 5  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 4.53E-59  |                                  | AT5G06050<br>(PAC:19672033)                                                 | Putative methyltransferase<br>family protein                                    |
| LOC100281537 | 100281537 | 1  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 5.53E-39  |                                  | AT1G77260<br>(PAC:19652090)                                                 | S-adenosyl-L-methionine-<br>dependent methyltransferases<br>superfamily protein |
| LOC100281771 | 100281771 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.90E-157 | LOC_Os08g42080<br>(PAC:33107097) | ACR5, putative, expressed                                                   |                                                                                 |
| LOC100281771 | 100281771 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.33E-38  | LOC_Os08g02520<br>(PAC:33106611) | OsSAUR31 - Auxin-responsive SAUR<br>gene family member, expressed           |                                                                                 |
| LOC100281771 | 100281771 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.33E-38  | LOC_Os08g42100<br>(PAC:33106854) | ACT domain containing protein, expressed                                    |                                                                                 |
| LOC100281771 | 100281771 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.76E-35  | LOC_Os08g42080<br>(PAC:33107097) | ACR5, putative, expressed                                                   |                                                                                 |
| LOC100281771 | 100281771 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.99E-62  | LOC_Os04g32110<br>(PAC:33108795) | ACT domain containing protein, expressed                                    |                                                                                 |
| LOC100281771 | 100281771 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.42E-42  | LOC_Os02g34990<br>(PAC:33134871) | ACT domain containing protein, putative,<br>expressed                       |                                                                                 |
| LOC100282018 | 100282018 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.93E-64  | LOC_Os12g32180<br>(PAC:33153086) | cornichon protein, putative, expressed                                      |                                                                                 |
| LOC100283315 | 100283315 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 9.83E-58  | LOC_Os06g43710<br>(PAC:33145168) | glucosidase II beta subunit-like domain<br>containing protein, expressed    |                                                                                 |
| LOC100283321 | 100283321 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.15E-84  | LOC_Os04g56970<br>(PAC:33107527) | tubulin/FtsZ domain containing protein,<br>putative, expressed              |                                                                                 |
| LOC100283321 | 100283321 | 5  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 6.95E-61  |                                  | AT5G55280<br>(PAC:19671906)                                                 | homolog of bacterial<br>cytokinesis Z-ring protein<br>FTSZ 1-1                  |
| LOC100283481 | 100283481 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.86E-46  | LOC_Os01g14980<br>(PAC:33120125) | RPA3 - Putative single-stranded DNA<br>binding complex subunit 3, expressed |                                                                                 |
| LOC100284077 | 100284077 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.80E-91  | LOC_Os01g57930<br>(PAC:33123323) | CDP-alcohol phosphatidyltransferase,<br>putative, expressed                 |                                                                                 |
| LOC100284102 | 100284102 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.38E-144 | LOC_Os06g42700<br>(PAC:33148994) | zinc finger, C3HC4 type domain<br>containing protein, expressed             |                                                                                 |
| LOC100284700 | 100284700 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os04g36700<br>(PAC:33112566) | proteasome subunit, putative, expressed                                     |                                                                                 |
| LOC100284700 | 100284700 | 3  | <i>O. sativa</i>             | 0         | LOC_Os03g37950                   | proteasome subunit, putative, expressed                                     |                                                                                 |

|              |           |      |                              |                |                                  |                                                |                                          |
|--------------|-----------|------|------------------------------|----------------|----------------------------------|------------------------------------------------|------------------------------------------|
|              |           | v7.0 |                              | (PAC:33130497) |                                  |                                                |                                          |
| LOC100284700 | 100284700 | 1    | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 0              |                                  | AT1G29150<br>(PAC:19650043)                    | non-ATPase subunit 9                     |
| LOC100284970 | 100284970 | 12   | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.45E-120      | LOC_Os12g43380<br>(PAC:33150134) | thaumatin, putative, expressed                 |                                          |
| LOC100284970 | 100284970 | 12   | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.38E-117      | LOC_Os12g43380<br>(PAC:33150134) | thaumatin, putative, expressed                 |                                          |
| LOC100284970 | 100284970 | 12   | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.84E-105      | LOC_Os12g43380<br>(PAC:33150134) | thaumatin, putative, expressed                 |                                          |
| LOC100284970 | 100284970 | 12   | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.84E-86       | LOC_Os12g43380<br>(PAC:33150134) | thaumatin, putative, expressed                 |                                          |
| LOC100284970 | 100284970 | 12   | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.99E-64       | LOC_Os12g43380<br>(PAC:33150134) | thaumatin, putative, expressed                 |                                          |
| LOC100284970 | 100284970 | 12   | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.39E-41       | LOC_Os12g43380<br>(PAC:33150134) | thaumatin, putative, expressed                 |                                          |
| LOC100284970 | 100284970 | 1    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.43E-53       | LOC_Os01g02310<br>(PAC:33120622) | expressed protein                              |                                          |
| LOC100284970 | 100284970 | 1    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.60E-31       | LOC_Os01g02310<br>(PAC:33120622) | expressed protein                              |                                          |
| LOC100284970 | 100284970 | 3    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.85E-48       | LOC_Os03g45960<br>(PAC:33128175) | thaumatin, putative, expressed                 |                                          |
| LOC100284970 | 100284970 | 3    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.34E-47       | LOC_Os03g45960<br>(PAC:33128175) | thaumatin, putative, expressed                 |                                          |
| LOC100284970 | 100284970 | 3    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.64E-46       | LOC_Os03g45960<br>(PAC:33128175) | thaumatin, putative, expressed                 |                                          |
| LOC100285006 | 100285006 | 10   | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.48E-133      | LOC_Os10g39780<br>(PAC:33100318) | protein phosphatase 2C, putative,<br>expressed |                                          |
| LOC100285006 | 100285006 | 3    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.68E-111      | LOC_Os03g04430<br>(PAC:33128290) | protein phosphatase 2C, putative,<br>expressed |                                          |
| LOC100285006 | 100285006 | 6    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.55E-45       | LOC_Os06g50380<br>(PAC:33148551) | protein phosphatase 2C, putative,<br>expressed |                                          |
| LOC100285006 | 100285006 | 5    | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 3.50E-40       |                                  | AT5G66080<br>(PAC:19665514)                    | Protein phosphatase 2C<br>family protein |
| LOC100285006 | 100285006 | 4    | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 3.27E-34       |                                  | AT4G38520<br>(PAC:19646061)                    | Protein phosphatase 2C<br>family protein |
| LOC100285911 | 100285911 | 1    | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.80E-69       | LOC_Os01g05800<br>(PAC:33126086) | inner membrane protein, putative,<br>expressed |                                          |
| LOC100285948 | 100285948 | 6    | <i>O. sativa</i>             | 1.42E-61       | LOC_Os06g49890                   | coiled-coil domain-containing protein 90A,     |                                          |

|              |           |    |                           |           |                               |                                                                    |                          |                                         |
|--------------|-----------|----|---------------------------|-----------|-------------------------------|--------------------------------------------------------------------|--------------------------|-----------------------------------------|
|              |           |    | v7.0                      |           | (PAC:33148140)                | mitochondrial precursor, putative, expressed                       |                          |                                         |
| LOC100286373 | 100286373 | 1  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 0         | LOC_Os01g61420 (PAC:33122922) | zinc finger, C3HC4 type domain containing protein, expressed       |                          |                                         |
| LOC100286373 | 100286373 | 5  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 1.03E-123 | LOC_Os05g39380 (PAC:33156472) | zinc finger, C3HC4 type domain containing protein, expressed       |                          |                                         |
| LOC100304328 | 100304328 | 6  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 0         | LOC_Os06g48330 (PAC:33145348) | ATEXO70G1, putative, expressed                                     |                          |                                         |
| LOC100304328 | 100304328 | 2  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 0         | LOC_Os02g05620 (PAC:33139633) | ATEXO70G1, putative, expressed                                     |                          |                                         |
| LOC100304328 | 100304328 | 2  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 1.62E-65  | LOC_Os02g13785 (PAC:33136935) | expressed protein                                                  |                          |                                         |
| LOC100304328 | 100304328 | 2  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 2.40E-63  | LOC_Os02g45590 (PAC:33137415) | PPR repeat domain containing protein, putative, expressed          |                          |                                         |
| LOC100304328 | 100304328 | 1  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 6.44E-77  | LOC_Os02g45590 (PAC:33137415) | PPR repeat domain containing protein, putative, expressed          |                          |                                         |
| LOC100304328 | 100304328 | 4  | <i>A. thaliana</i> TAIR10 | 2.25E-57  |                               |                                                                    | AT4G31540 (PAC:19647583) | exocyst subunit exo70 family protein G1 |
| LOC100304328 | 100304328 | 11 | <i>O. sativa</i> v7.0     | 7.85E-57  | LOC_Os11g43000 (PAC:33160246) | ATEXO70G1, putative, expressed                                     |                          |                                         |
| LOC100304328 | 100304328 | 10 | <i>O. sativa</i> v7.0     | 4.64E-47  | LOC_Os10g05050 (PAC:33100563) |                                                                    |                          |                                         |
| LOC100381474 | 100381474 | 8  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 0         | LOC_Os08g02670 (PAC:33107066) | ATP binding protein, putative, expressed                           |                          |                                         |
| LOC100381723 | 100381723 | 1  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 0         | LOC_Os01g61180 (PAC:33120856) | exo70 exocyst complex subunit domain containing protein, expressed |                          |                                         |
| LOC100381723 | 100381723 | 5  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 0         | LOC_Os05g39610 (PAC:33155451) | exo70 exocyst complex subunit domain containing protein, expressed |                          |                                         |
| LOC100381900 | 100381900 | 4  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 1.02E-46  | LOC_Os04g55410 (PAC:33107841) | FGGY family of carbohydrate kinases, putative, expressed           |                          |                                         |
| LOC100381927 | 100381927 | 8  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 6.70E-78  | LOC_Os08g39570 (PAC:33104917) | Leucine Rich Repeat family protein, expressed                      |                          |                                         |
| LOC100381927 | 100381927 | 4  | <i>O. sativa</i> v7.0     | 2.34E-77  | LOC_Os04g35210 (PAC:33107929) | Leucine Rich Repeat family protein, expressed                      |                          |                                         |
| LOC100381936 | 100381936 | 12 | <i>O. sativa</i> v7.0     | 0         | LOC_Os12g36760 (PAC:33150591) | expressed protein                                                  |                          |                                         |
| LOC100381936 | 100381936 | 5  | <i>A. thaliana</i> TAIR10 | 3.44E-95  |                               |                                                                    | AT5G54440 (PAC:19671589) | CLUB                                    |

|              |           |    |                              |           |                                  |                                                                                                             |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|----------------------------------|-------------------------------------------------------------------------------------------------------------|
| LOC100382105 | 100382105 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.84E-48  | LOC_Os02g34830<br>(PAC:33134159) | tetratricopeptide repeat domain containing<br>protein, expressed                                            |
| LOC100382354 | 100382354 | 9  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.85E-50  | LOC_Os09g25710<br>(PAC:33141134) | keratin, type I cytoskeletal 9, putative,<br>expressed                                                      |
| LOC100382441 | 100382441 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os08g45130<br>(PAC:33104915) | histone-lysine N-methyltransferase,<br>putative, expressed                                                  |
| LOC100382444 | 100382444 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os04g44250<br>(PAC:33110981) | cytokinin-O-glucosyltransferase 3,<br>putative, expressed                                                   |
| LOC100382444 | 100382444 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os04g44240<br>(PAC:33109085) | cytokinin-O-glucosyltransferase 3,<br>putative, expressed                                                   |
| LOC100382444 | 100382444 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.46E-42  | LOC_Os02g11130<br>(PAC:33137005) | cytokinin-O-glucosyltransferase 3,<br>putative, expressed                                                   |
| LOC100382444 | 100382444 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.17E-40  | LOC_Os02g11110<br>(PAC:33138607) | flavonol-3-O-glycoside-7-O-<br>glucosyltransferase 1, putative, expressed                                   |
| LOC100382444 | 100382444 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.52E-35  | LOC_Os02g11640<br>(PAC:33138262) | UDP-glucuronosyl and UDP-glucosyl<br>transferase, putative, expressed                                       |
| LOC100382629 | 100382629 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os03g55230<br>(PAC:33129974) | cytochrome P450, putative, expressed                                                                        |
| LOC100382629 | 100382629 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.27E-44  | LOC_Os04g18380<br>(PAC:33111457) | cytochrome P450, putative, expressed                                                                        |
| LOC100382629 | 100382629 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.16E-39  | LOC_Os12g39310<br>(PAC:33150923) | cytochrome P450, putative, expressed                                                                        |
| LOC100382629 | 100382629 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.72E-37  | LOC_Os12g39300<br>(PAC:33151502) | cytochrome P450, putative, expressed                                                                        |
| LOC100382629 | 100382629 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.32E-36  | LOC_Os02g30100<br>(PAC:33138953) | cytochrome P450, putative, expressed                                                                        |
| LOC100382694 | 100382694 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.72E-109 | LOC_Os01g61410<br>(PAC:33118879) | NADH-ubiquinone oxidoreductase,<br>mitochondrial precursor, putative,<br>expressed                          |
| LOC100382694 | 100382694 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.51E-54  | LOC_Os07g37730<br>(PAC:33115767) | NADH-ubiquinone oxidoreductase,<br>mitochondrial precursor, putative,<br>expressed                          |
| LOC100382848 | 100382848 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.21E-82  | LOC_Os02g07740<br>(PAC:33140458) | RNA binding protein, putative, expressed                                                                    |
| LOC100382848 | 100382848 | 1  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 5.58E-31  |                                  | AT1G54310<br>(PAC:19654008) S-adenosyl-L-methionine-<br>dependent methyltransferases<br>superfamily protein |
| LOC100382925 | 100382925 | 1  | <i>O. sativa</i>             | 0         | LOC_Os01g66560                   | signal recognition particle 72 kDa protein,                                                                 |

|              |           |    |                              |          |                                  |                                                          |                                                      |
|--------------|-----------|----|------------------------------|----------|----------------------------------|----------------------------------------------------------|------------------------------------------------------|
|              |           |    | v7.0                         |          | (PAC:33123341)                   | putative, expressed                                      |                                                      |
| LOC100382925 | 100382925 | 1  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 3.75E-72 |                                  |                                                          | AT1G67680<br>(PAC:19651578) SRP72 RNA-binding domain |
| LOC100382925 | 100382925 | 1  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 1.59E-70 |                                  |                                                          | AT1G67650<br>(PAC:19650985) SRP72 RNA-binding domain |
| LOC100383285 | 100383285 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.35E-57 | LOC_Os01g04860<br>(PAC:33121953) | DUF647 domain containing protein,<br>putative, expressed |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.80E-97 | LOC_Os11g02130<br>(PAC:33164324) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.41E-93 | LOC_Os12g02080<br>(PAC:33151316) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.26E-61 | LOC_Os04g55740<br>(PAC:33111112) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.32E-57 | LOC_Os04g34630<br>(PAC:33109099) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.10E-34 | LOC_Os04g55740<br>(PAC:33111112) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.10E-53 | LOC_Os07g47990<br>(PAC:33114778) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.11E-32 | LOC_Os07g48020<br>(PAC:33117210) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.32E-53 | LOC_Os02g14430<br>(PAC:33137443) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.35E-46 | LOC_Os02g14460<br>(PAC:33136926) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.55E-44 | LOC_Os02g14430<br>(PAC:33137443) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.84E-41 | LOC_Os02g14160<br>(PAC:33135874) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 9.53E-39 | LOC_Os02g14180<br>(PAC:33134988) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.72E-35 | LOC_Os02g14440<br>(PAC:33139525) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.10E-34 | LOC_Os02g14160<br>(PAC:33135874) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.09E-31 | LOC_Os02g14440<br>(PAC:33139525) | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |
| LOC100383495 | 100383495 | 10 | <i>O. sativa</i>             | 8.35E-46 | LOC_Os10g01760                   | peroxidase precursor, putative, expressed                |                                                      |

|              |           |    |                          |           |                                  |                                                                              |
|--------------|-----------|----|--------------------------|-----------|----------------------------------|------------------------------------------------------------------------------|
|              |           |    | v7.0                     |           | (PAC:33100980)                   |                                                                              |
| LOC100383495 | 100383495 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.94E-36  | LOC_Os10g02040<br>(PAC:33099982) | peroxidase precursor, putative, expressed                                    |
| LOC100383495 | 100383495 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.51E-42  | LOC_Os06g35520<br>(PAC:33145416) | peroxidase precursor, putative, expressed                                    |
| LOC100383495 | 100383495 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.11E-32  | LOC_Os08g02110<br>(PAC:33104000) | peroxidase precursor, putative, expressed                                    |
| LOC100383495 | 100383495 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.11E-32  | LOC_Os03g22020<br>(PAC:33128153) | peroxidase precursor, putative, expressed                                    |
| LOC100383495 | 100383495 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.09E-31  | LOC_Os03g02960<br>(PAC:33127576) | nascent polypeptide-associated complex<br>subunit alpha, putative, expressed |
| LOC100383661 | 100383661 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os05g39840<br>(PAC:33159164) | expressed protein                                                            |
| LOC100383726 | 100383726 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os01g65100<br>(PAC:33122670) | peptide transporter, putative, expressed                                     |
| LOC100383726 | 100383726 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.12E-82  | LOC_Os01g65169<br>(PAC:33121741) | proton-dependent oligopeptide transport,<br>putative, expressed              |
| LOC100383726 | 100383726 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.49E-54  | LOC_Os01g65100<br>(PAC:33122670) | peptide transporter, putative, expressed                                     |
| LOC100383726 | 100383726 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.66E-41  | LOC_Os01g65150<br>(PAC:33121710) | proton-dependent oligopeptide transport,<br>putative, expressed              |
| LOC100383726 | 100383726 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.50E-32  | LOC_Os01g04950<br>(PAC:33125947) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                             |
| LOC100383726 | 100383726 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.50E-32  | LOC_Os01g65100<br>(PAC:33122670) | peptide transporter, putative, expressed                                     |
| LOC100383726 | 100383726 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.21E-157 | LOC_Os05g35594<br>(PAC:33156576) | peptide transporter, putative, expressed                                     |
| LOC100383726 | 100383726 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.64E-136 | LOC_Os05g35650<br>(PAC:33157677) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                             |
| LOC100383726 | 100383726 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.79E-43  | LOC_Os05g35650<br>(PAC:33157677) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                             |
| LOC100383726 | 100383726 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.33E-67  | LOC_Os10g05780<br>(PAC:33101134) | POT domain containing peptide<br>transporter, putative, expressed            |
| LOC100383726 | 100383726 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.85E-56  | LOC_Os04g59480<br>(PAC:33112003) | POT family protein, expressed                                                |
| LOC100383726 | 100383726 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.91E-49  | LOC_Os06g13200<br>(PAC:33145290) | proton-dependent oligopeptide transport,<br>putative, expressed              |
| LOC100383726 | 100383726 | 6  | <i>O. sativa</i>         | 1.47E-44  | LOC_Os06g13210                   | peptide transporter PTR2, putative,                                          |

|              |           |   |                              |           |                                  |                                                                             |                             |                                                       |
|--------------|-----------|---|------------------------------|-----------|----------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------|-----------------------------|-------------------------------------------------------|
|              |           |   | v7.0                         |           | (PAC:33146076)                   | expressed                                                                   |                             |                                                       |
| LOC100383726 | 100383726 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.13E-36  | LOC_Os02g31980<br>(PAC:33137578) | proton-dependent oligopeptide transport,<br>putative, expressed             |                             |                                                       |
| LOC100383726 | 100383726 | 1 | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 7.13E-36  |                                  |                                                                             | AT1G22540<br>(PAC:19657244) | Major facilitator superfamily<br>protein              |
| LOC100383726 | 100383726 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.06E-33  | LOC_Os08g41590<br>(PAC:33104216) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                            |                             |                                                       |
| LOC100383726 | 100383726 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.69E-33  | LOC_Os03g04570<br>(PAC:33127109) | peptide transporter PTR3-A, putative,<br>expressed                          |                             |                                                       |
| LOC100383810 | 100383810 | 9 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.66E-76  | LOC_Os09g31160<br>(PAC:33142230) | glutamate receptor precursor, putative,<br>expressed                        |                             |                                                       |
| LOC100383810 | 100383810 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.66E-76  | LOC_Os06g13730<br>(PAC:33149147) | glutamate receptor precursor, putative,<br>expressed                        |                             |                                                       |
| LOC100383810 | 100383810 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 9.31E-38  | LOC_Os04g49570<br>(PAC:33110268) | glutamate receptor, putative, expressed                                     |                             |                                                       |
| LOC100384029 | 100384029 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 5.35E-76  | LOC_Os01g68620<br>(PAC:33123949) | signal peptide peptidase-like 2B, putative,<br>expressed                    |                             |                                                       |
| LOC100384037 | 100384037 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.93E-57  | LOC_Os01g70060<br>(PAC:33126500) | protein of unknown function, DUF618<br>domain containing protein, expressed |                             |                                                       |
| LOC100384533 | 100384533 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.50E-128 | LOC_Os03g01580<br>(PAC:33130073) | expressed protein                                                           |                             |                                                       |
| LOC100384790 | 100384790 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.46E-68  | LOC_Os06g05820<br>(PAC:33146201) | OsLonP2 - Putative Lon protease<br>homologue, expressed                     |                             |                                                       |
| LOC100501255 | 100501255 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os02g49960<br>(PAC:33134750) | expressed protein                                                           |                             |                                                       |
| LOC100501255 | 100501255 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 9.03E-134 | LOC_Os06g14780<br>(PAC:33148004) | expressed protein                                                           |                             |                                                       |
| LOC100501255 | 100501255 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.70E-36  | LOC_Os08g33210<br>(PAC:33104880) | expressed protein                                                           |                             |                                                       |
| LOC100501712 | 100501712 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os08g38240<br>(PAC:33107330) | transposon protein, putative, CACTA,<br>En/Spm sub-class, expressed         |                             |                                                       |
| LOC100501712 | 100501712 | 9 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os09g29990<br>(PAC:33141961) | skin secretory protein xP2 precursor,<br>putative, expressed                |                             |                                                       |
| LOC100501712 | 100501712 | 5 | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 7.40E-31  |                                  |                                                                             | AT5G55670<br>(PAC:19672574) | RNA-binding<br>(RRM/RBD/RNP motifs)<br>family protein |
| LOC100501921 | 100501921 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os06g03820<br>(PAC:33149069) | expressed protein                                                           |                             |                                                       |

|              |           |    |                          |           |                                  |                                                                           |
|--------------|-----------|----|--------------------------|-----------|----------------------------------|---------------------------------------------------------------------------|
| LOC100501994 | 100501994 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.29E-78  | LOC_Os08g33740<br>(PAC:33104854) | CSLA11 - cellulose synthase-like family<br>A, expressed                   |
| LOC100501994 | 100501994 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.80E-65  | LOC_Os08g33740<br>(PAC:33104854) | CSLA11 - cellulose synthase-like family<br>A, expressed                   |
| LOC100501994 | 100501994 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.03E-61  | LOC_Os08g33740<br>(PAC:33104854) | CSLA11 - cellulose synthase-like family<br>A, expressed                   |
| LOC100501994 | 100501994 | 9  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.21E-53  | LOC_Os09g39930<br>(PAC:33143510) | tyrosine protein kinase domain containing<br>protein, putative, expressed |
| LOC100501994 | 100501994 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 9.27E-49  | LOC_Os06g42020<br>(PAC:33148536) | CSLA9 - cellulose synthase-like family A,<br>expressed                    |
| LOC100501994 | 100501994 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.04E-44  | LOC_Os02g09930<br>(PAC:33135806) | CSLA1 - cellulose synthase-like family A;<br>mannan synthase, expressed   |
| LOC100501994 | 100501994 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.13E-33  | LOC_Os07g43710<br>(PAC:33117027) | CSLA7 - cellulose synthase-like family A;<br>mannan synthase, expressed   |
| LOC100502153 | 100502153 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.65E-175 | LOC_Os04g52725<br>(PAC:33111802) | PPR repeat domain containing protein,<br>putative, expressed              |
| LOC100502313 | 100502313 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os01g65100<br>(PAC:33122670) | peptide transporter, putative, expressed                                  |
| LOC100502313 | 100502313 | 1  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.28E-96  | LOC_Os01g65169<br>(PAC:33121741) | proton-dependent oligopeptide transport,<br>putative, expressed           |
| LOC100502313 | 100502313 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.55E-171 | LOC_Os05g35650<br>(PAC:33157677) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                          |
| LOC100502313 | 100502313 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.19E-88  | LOC_Os05g35650<br>(PAC:33157677) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                          |
| LOC100502313 | 100502313 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 3.65E-116 | LOC_Os05g35594<br>(PAC:33156576) | peptide transporter, putative, expressed                                  |
| LOC100502313 | 100502313 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.47E-61  | LOC_Os05g35594<br>(PAC:33156576) | peptide transporter, putative, expressed                                  |
| LOC100502313 | 100502313 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.56E-49  | LOC_Os05g35650<br>(PAC:33157677) | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                          |
| LOC100502313 | 100502313 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.47E-42  | LOC_Os05g35594<br>(PAC:33156576) | peptide transporter, putative, expressed                                  |
| LOC100502313 | 100502313 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.18E-33  | LOC_Os05g27010<br>(PAC:33156646) | peptide transporter PTR3-A, putative,<br>expressed                        |
| LOC100502313 | 100502313 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.76E-83  | LOC_Os10g05780<br>(PAC:33101134) | POT domain containing peptide<br>transporter, putative, expressed         |
| LOC100502313 | 100502313 | 4  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.05E-59  | LOC_Os04g59480<br>(PAC:33112003) | POT family protein, expressed                                             |

|              |           |    |                              |           |                                   |                                                                                         |                             |                                          |
|--------------|-----------|----|------------------------------|-----------|-----------------------------------|-----------------------------------------------------------------------------------------|-----------------------------|------------------------------------------|
| LOC100502313 | 100502313 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.12E-46  | LOC_Os06g13210<br>(PAC:33146076)  | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                                        |                             |                                          |
| LOC100502313 | 100502313 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.47E-42  | LOC_Os06g13200<br>(PAC:33145290)  | proton-dependent oligopeptide transport,<br>putative, expressed                         |                             |                                          |
| LOC100502313 | 100502313 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.90E-37  | LOC_Os08g41590<br>(PAC:33104216)  | peptide transporter PTR2, putative,<br>expressed                                        |                             |                                          |
| LOC100502313 | 100502313 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.31E-36  | LOC_Os02g31980<br>(PAC:33137578)  | proton-dependent oligopeptide transport,<br>putative, expressed                         |                             |                                          |
| LOC100502313 | 100502313 | 1  | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 1.78E-31  |                                   |                                                                                         | AT1G22540<br>(PAC:19657244) | Major facilitator superfamily<br>protein |
| LOC100502500 | 100502500 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.68E-126 | LOC_Os11g02730<br>(PAC:33160248)  | harpin-induced protein 1 domain<br>containing protein, expressed                        |                             |                                          |
| LOC100502500 | 100502500 | 12 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.65E-123 | LOC_Os12g02700<br>(PAC:33150102)  | harpin-induced protein 1 domain<br>containing protein, expressed                        |                             |                                          |
| LOC100502500 | 100502500 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.03E-70  | LOC_Os06g32970<br>(PAC:33145538)  | harpin-induced protein 1 domain<br>containing protein, expressed                        |                             |                                          |
| LOC100856921 | 100856921 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.17E-53  | LOC_Os05g44160<br>(PAC:33157085)  | expressed protein                                                                       |                             |                                          |
| LOC103626267 | 103626267 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 0         | LOC_Os10g22990<br>(PAC:33101918)  | phi-1-like phosphate-induced protein,<br>putative, expressed                            |                             |                                          |
| LOC103626267 | 103626267 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 1.61E-55  | LOC_Os06g11650<br>(PAC:33148719)  | phosphate-induced protein 1 conserved<br>region domain containing protein,<br>expressed |                             |                                          |
| LOC103626267 | 103626267 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 8.93E-40  | LOC_Os06g11700<br>(PAC:33149555)  | phosphate-induced protein 1 conserved<br>region domain containing protein,<br>expressed |                             |                                          |
| LOC103626267 | 103626267 | 6  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.87E-35  | LOC_Os06g11680<br>(PAC:33146728). | phosphate-induced protein 1 conserved<br>region domain containing protein,<br>expressed |                             |                                          |
| LOC103626267 | 103626267 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.83E-47  | LOC_Os06g11680<br>(PAC:33146728)  | phosphate-induced protein 1 conserved<br>region domain containing protein,<br>expressed |                             |                                          |
| LOC103626267 | 103626267 | 2  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.83E-47  | LOC_Os02g52040<br>(PAC:33136699)  | phosphate-induced protein 1 conserved<br>region domain containing protein,<br>expressed |                             |                                          |
| LOC103626267 | 103626267 | 8  | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.12E-39  | LOC_Os08g37840<br>(PAC:33103208)  | phosphate-induced protein 1 conserved<br>region domain containing protein,<br>expressed |                             |                                          |

|              |           |    |                          |           |                                  |                                                                                    |
|--------------|-----------|----|--------------------------|-----------|----------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------|
| LOC103632729 | 103632729 | 9  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.41E-31  | LOC_Os09g24210<br>(PAC:33140613) | expressed protein                                                                  |
| LOC103633165 | 103633165 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.14E-36  | LOC_Os07g29640<br>(PAC:33116578) | expressed protein                                                                  |
| LOC103636932 | 103636932 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.65E-50  | LOC_Os03g17440<br>(PAC:33132304) | expressed protein                                                                  |
| LOC103639235 | 103639235 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.67E-72  | LOC_Os03g19040<br>(PAC:33130780) | expressed protein                                                                  |
| LOC103639235 | 103639235 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.10E-41  | LOC_Os05g28840<br>(PAC:33159800) | expressed protein                                                                  |
| LOC103639888 | 103639888 | 7  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os07g32560<br>(PAC:33114514) | ATP-dependent protease, putative,<br>expressed                                     |
| LOC103645040 | 103645040 | 5  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.19E-100 | LOC_Os05g48760<br>(PAC:33158552) | protein of unknown function DUF1421<br>domain containing protein, expressed        |
| LOC103645334 | 103645334 | 10 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.74E-75  | LOC_Os10g18370<br>(PAC:33101540) | transcriptional regulator, putative,<br>expressed                                  |
| LOC103645745 | 103645745 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 7.43E-51  | LOC_Os03g11140<br>(PAC:33127922) | pleckstrin homology domain-containing<br>protein-related taxo, putative, expressed |
| LOC103645745 | 103645745 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 8.48E-44  | LOC_Os03g15180<br>(PAC:33133173) | PH domain containing protein, expressed                                            |
| LOC103645907 | 103645907 | 3  | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.53E-74  | LOC_Os03g51090<br>(PAC:33132801) | OsFBDUF17 - F-box and DUF domain<br>containing protein, expressed                  |
| LOC103645907 | 103645907 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.31E-71  | LOC_Os11g37390<br>(PAC:33163795) | OsFBDUF54 - F-box and DUF domain<br>containing protein, expressed                  |
| LOC103645907 | 103645907 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.08E-56  | LOC_Os11g37300<br>(PAC:33163817) | OsFBDUF53 - F-box and DUF domain<br>containing protein, expressed                  |
| LOC103645907 | 103645907 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 8.27E-49  | LOC_Os11g36610<br>(PAC:33160989) | OsFBDUF51 - F-box and DUF domain<br>containing protein, expressed                  |
| LOC103645907 | 103645907 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.28E-46  | LOC_Os11g37060<br>(PAC:33160857) | OsFBDUF52 - F-box and DUF domain<br>containing protein, expressed                  |
| LOC103645907 | 103645907 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.28E-46  | LOC_Os11g38500<br>(PAC:33161616) | OsFBDUF62 - F-box and DUF domain<br>containing protein, expressed                  |
| LOC103645907 | 103645907 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 9.44E-42  | LOC_Os11g36790<br>(PAC:33162194) | OsFBO6 - F-box and other domain<br>containing protein, expressed                   |
| LOC103645907 | 103645907 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.89E-39  | LOC_Os11g36830<br>(PAC:33160068) | expressed protein                                                                  |
| LOC103645907 | 103645907 | 11 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.08E-37  | LOC_Os11g37010<br>(PAC:33164646) | expressed protein                                                                  |

|              |           |   |                          |           |                                  |                                                                                    |
|--------------|-----------|---|--------------------------|-----------|----------------------------------|------------------------------------------------------------------------------------|
| LOC103646241 | 103646241 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 0         | LOC_Os04g42770<br>(PAC:33108930) | expressed protein                                                                  |
| LOC103646241 | 103646241 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.24E-48  | LOC_Os02g40410<br>(PAC:33137440) | expressed protein                                                                  |
| LOC103647937 | 103647937 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.52E-117 | LOC_Os04g49310<br>(PAC:33113407) | tRNA-splicing endonuclease positive<br>effector-related, putative, expressed       |
| LOC103647937 | 103647937 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.52E-59  | LOC_Os04g49270<br>(PAC:33113585) | tRNA-splicing endonuclease positive<br>effector-related, putative, expressed       |
| LOC103648231 | 103648231 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.94E-31  | LOC_Os07g12610<br>(PAC:33114110) | OsFBX227 - F-box domain containing<br>protein, expressed                           |
| LOC103648516 | 103648516 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.20E-79  | LOC_Os08g33420<br>(PAC:33104373) | agenet domain containing protein,<br>expressed                                     |
| LOC103651769 | 103651769 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.49E-35  | LOC_Os03g56620<br>(PAC:33129477) | expressed protein                                                                  |
| LOC103651769 | 103651769 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.49E-35  | LOC_Os01g67100<br>(PAC:33118996) | expressed protein                                                                  |
| LOC103653151 | 103653151 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 2.54E-58  | LOC_Os08g01840<br>(PAC:33102712) | nucleic acid binding protein, putative,<br>expressed                               |
| LOC103656015 | 103656015 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.02E-142 | LOC_Os02g07850<br>(PAC:33137446) | DUF630/DUF632 domains containing<br>protein, putative, expressed                   |
| LOC109944084 | 109944084 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.53E-45  | LOC_Os06g29180<br>(PAC:33148657) | erythronate-4-phosphate dehydrogenase<br>domain containing protein, expressed      |
| LOC109944084 | 109944084 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.80E-37  | LOC_Os06g29220<br>(PAC:33146551) | erythronate-4-phosphate dehydrogenase<br>domain containing protein, expressed      |
| LOC103653829 | 103653829 | 2 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 4.14E-116 | LOC_Os02g42560<br>(PAC:33137523) | expressed protein                                                                  |
| LOC103653829 | 103653829 | 4 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.14E-114 | LOC_Os04g44640<br>(PAC:33111790) | ulp1 protease family, C-terminal catalytic<br>domain containing protein, expressed |
| LOC103650845 | 103650845 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.65E-124 | LOC_Os01g69160<br>(PAC:33123634) | regulatory protein, putative, expressed                                            |
| LOC103650845 | 103650845 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.12E-81  | LOC_Os01g69190<br>(PAC:33118790) | regulatory protein, putative, expressed                                            |
| LOC103650845 | 103650845 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 5.48E-49  | LOC_Os01g69160<br>(PAC:33123634) | regulatory protein, putative, expressed                                            |
| LOC103650845 | 103650845 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 6.68E-48  | LOC_Os01g69140<br>(PAC:33121789) | regulatory protein, putative, expressed                                            |
| LOC103650845 | 103650845 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0 | 1.68E-36  | LOC_Os01g69190<br>(PAC:33118790) | regulatory protein, putative, expressed                                            |

|              |           |   |                              |          |                                  |                                                                         |
|--------------|-----------|---|------------------------------|----------|----------------------------------|-------------------------------------------------------------------------|
| LOC103650845 | 103650845 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 7.12E-73 | LOC_Os07g35350<br>(PAC:33117391) | glucan endo-1,3-beta-glucosidase<br>precursor, putative, expressed      |
| LOC103650845 | 103650845 | 6 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.03E-71 | LOC_Os06g42890<br>(PAC:33146717) | DNA binding protein, putative, expressed                                |
| LOC103650845 | 103650845 | 8 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 6.25E-42 | LOC_Os08g41800<br>(PAC:33106157) | regulatory protein, putative, expressed                                 |
| LOC103650845 | 103650845 | 3 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 3.95E-38 | LOC_Os03g63280<br>(PAC:33130515) | regulatory protein, putative, expressed                                 |
| LOC103636147 | 103636147 | 1 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 2.46E-85 | LOC_Os01g47620<br>(PAC:33123880) | expressed protein                                                       |
| LOC100192831 | 100192831 | 5 | <i>A. thaliana</i><br>TAIR10 | 1.41E-67 |                                  | AT5G13720<br>(PAC:19671146) Uncharacterised protein<br>family (UPF0114) |
| LOC100192831 | 100192831 | 7 | <i>O. sativa</i><br>v7.0     | 4.31E-55 | LOC_Os07g46320<br>(PAC:33117957) | uncharacterized UPF0114 domain<br>containing protein, expressed         |

**ANEXO A – TERMO DE COMPROMISSO DO PROFESSOR ORIENTADOR DO  
TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO**

Eu, Rafael Rauber, professor do Curso de Graduação em Ciências Biológicas desta Instituição, declaro, para os devidos fins, estar de acordo em assumir a orientação do Trabalho de Conclusão de Curso da aluna Adrielli Marina de Almeida, habilitação bacharelado e que apresenta, como título provisório: Identificação *in silico* de *loci* gênicos não-caracterizados de milho que estavam diferencialmente expressos durante a interação de *Azospirillum* com milho na presença de um inibidor da síntese de ácido indol acético (aia).

Cascavel, 22 de setembro de 2022.

Rafael Rauber

Nome legível do orientador

Rafael Rauber

Assinatura do orientador

ADRIELLI M. DE ALMEIDA

Nome legível do aluno

Adrielli M. de Almeida

Assinatura do aluno

**ANEXO B – TERMO DE COMPROMISSO DO ALUNO ORIENTADO DO TRABALHO DE CONCLUSÃO DE CURSO.**

Eu, Adrielli Marina de Almeida, Carteira de identidade número 13.205.045-7, aluna regularmente matriculado no curso de graduação de Ciências Biológicas da Faculdade Assis Gurgacz – FAG, sob registro acadêmico número 201910699 declaro estar ciente das regras definidas pelo colegiado do curso de Ciências Biológicas para o processo de realização do trabalho de conclusão de curso, cumprindo, assim os créditos da disciplina: Trabalho de Conclusão de Curso.

Declaro ainda que me comprometo a cumprir rigorosamente os prazos definidos para entrega das diversas etapas do trabalho, bem como a estar em todos os encontros previstos com o professor orientador.

Professor orientador: Rafael Rauber.

Título provisório:

Identificação *in silico* de *loci* gênicos não-caracterizados de milho que estavam diferencialmente expressos durante a interação de *Azospirillum* com milho na presença de um inibidor da síntese de ácido indol acético (aia).

Cascavel, 22 de setembro de 2022.

ADRIELLI M. DE ALMEIDA

Nome legível do aluno

Adrielli m. de Almeida

Assinatura do aluno

# ANEXO C – SOLICITAÇÃO DE COMPOSIÇÃO DE BANCA DE DEFESA DE TCC

Eu, acadêmica Adrielli Marina de Almeida, juntamente com meu professor(a) orientador(a) Rafael Rauber, docente do curso de Ciências Biológicas, viemos por meio deste solicitar a composição da banca de defesa pública do Trabalho de Conclusão de curso intitulado Identificação *in silico* de loci gênicos não-caracterizados de milho que estavam diferencialmente expressos durante a interação de *Azospirillum* com milho na presença de um inibidor da síntese de ácido indol acético (AIA), com os professores citados abaixo:

|                           |                   |
|---------------------------|-------------------|
| <b>Rafael Rauber</b>      | <b>Orientador</b> |
| <b>Eliandro Espindula</b> | Titular           |
| <b>Bianca Carraro</b>     | Titular           |
| <b>Thomas Freut</b>       | Suplente          |

Cascavel, 27 de outubro de 2022



**RAFAEL RAUBER**

RG: 8.610.982-4/SSPPR  
CPF: 059.976.109-99



**ADRIELLI MARINA DE ALMEIDA**

RA: 201910699  
RG: 13.205.045-7/SSPPR

# ANEXO D – ACOMPANHAMENTO DAS ORIENTAÇÕES DE TCC

Acadêmico: Adrielli Marina de Almeida

RA: 201910699

Orientador: Rafael Rauber

Período: 8º

| Data     | Atividades desenvolvidas                  | Assinatura do aluno | Assinatura do orientador                                                              |
|----------|-------------------------------------------|---------------------|---------------------------------------------------------------------------------------|
| 01/08/21 | Reunião 1ª parte metodológica             | Adrielli            |    |
| 12/08/21 | Reunião 2ª parte metodológica             | Adrielli            |    |
| 09/09/21 | Reunião divisão metodológica              | Adrielli            |    |
| 16/09/21 | Reunião finalização 2ª parte metodológica | Adrielli            |    |
| 27/10/21 | Abrandamento da pipeline                  | Adrielli            |    |
| 11/12/21 | Reunião encerrar divisão                  | Adrielli            |   |
| 08/04/22 | Orientação de dados                       | Adrielli            |  |
| 14/04/22 | Orientação análise de dados               | Adrielli            |  |
| 09/05/22 | Reunião 3ª parte metodológica             | Adrielli            |  |
| 27/06/22 | Expandimento divisão dos dados            | Adrielli            |  |
| 30/07/22 | Orientação metodológica                   | Adrielli            |  |
| 06/09/22 | Orientação análise                        | Adrielli            |  |
| 28/09/22 | Reunião metodológica                      | Adrielli            |  |
| 11/10/22 | Reunião divisão parte técnica             | Adrielli            |  |
| 15/11/22 | Finalização parte técnica.                | Adrielli            |  |
|          |                                           |                     |                                                                                       |
|          |                                           |                     |                                                                                       |
|          |                                           |                     |                                                                                       |
|          |                                           |                     |                                                                                       |
|          |                                           |                     |                                                                                       |
|          |                                           |                     |                                                                                       |
|          |                                           |                     |                                                                                       |
|          |                                           |                     |                                                                                       |
|          |                                           |                     |                                                                                       |

Assinatura do Orientador: Rafael Rauber.

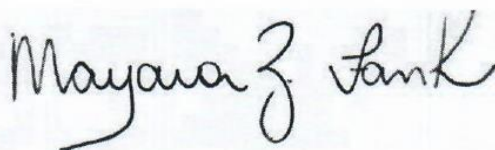


**ANEXO E – DECLARAÇÃO DE REVISÃO ORTOGRÁFICA E GRAMATICAL DO  
TCC**

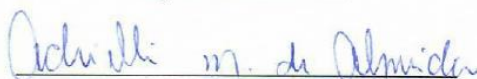
Eu, Mayara Zanatta Fank, RG 10.207.384-3, CPF 088.310.389-31, e-mail mayara\_zanatta@hotmail.com, telefone (45) 99975-3806, declaro para os devidos fins que realizei a correção ortográfica e gramatical do artigo intitulado IDENTIFICAÇÃO IN SILICO DE LOCI GÊNICOS NÃO-CARACTERIZADOS DE MILHO QUE ESTAVAM DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS DURANTE A INTERAÇÃO DE AZOSPIRILLUM COM MILHO NA PRESENÇA DE UM INIBIDOR DA SÍNTESE DO ÁCIDO INDOL-3-ACÉTICO (AIA), de autoria de Adrielli Marina de Almeida, acadêmica regularmente matriculada no Curso de Ciências biológicas – modalidade Bacharelado do Centro Universitário da Fundação Assis Gurgacz.

Por ser verdade, firmo o presente documento.

Cascavel, 22 de novembro de 2022



Mayara Zanatta Fank



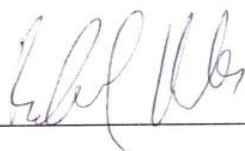
Adrielli Marina de Almeida

**ANEXO F – DECLARAÇÃO DE INEXISTÊNCIA DE PLÁGIO****ADRIELLI MARINA DE ALMEIDA**

**IDENTIFICAÇÃO *IN SILICO* DE *LOCI* GÊNICOS NÃO-CARACTERIZADOS DE MILHO QUE ESTAVAM DIFERENCIALMENTE EXPRESSOS DURANTE A INTERAÇÃO DE *AZOSPIRILLUM* COM MILHO NA PRESENÇA DE UM INIBIDOR DA SÍNTESE DO ÁCIDO INDOL-3-ACÉTICO (AIA).**

Eu Adrielli Marina de Almeida, aluna da Graduação de Ciências Biológicas, da Faculdade Assis Gurgacz, declaro, para os devidos fins, que o Trabalho de Conclusão de Curso apresentado em anexo, requisito necessário à obtenção do grau de Bacharel em Ciências Biológicas, encontra-se plenamente em conformidade com os critérios técnicos, acadêmicos e científicos de originalidade. Declaro ainda que, com exceção das citações diretas e indiretas claramente indicadas e referenciadas, este trabalho foi escrito por mim e portanto não contém plágio, fato este que pode ser comprovado pelo relatório do software verificador de plágio que se encontra junto a este documento. Eu estou consciente que a utilização de material de terceiros incluindo uso de paráfrase sem a devida indicação das fontes será considerado plágio, e estará sujeito à processo administrativos da FAG - Faculdade Assis Gurgacz e sanções legais.

Cascavel, 22 de novembro de 2022.

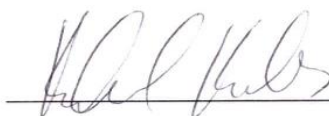


**RAFAEL RAUBER**  
RG: 8.610.982-4/SSPPR  
CPF: 059.976.109-99

**ANEXO G – AUTORIZAÇÃO PARA ENCAMINHAMENTO DO TCC PARA DEFESA**

Eu, Professor Rafael Rauber, docente do curso de Ciências Biológicas, orientador da acadêmica Adrielli Marina de Almeida, na elaboração do Trabalho de Conclusão de Curso (TCC) intitulado: Identificação *in silico* de *loci* gênicos não-caracterizados de milho que estavam diferencialmente expressos durante a interação de *Azospirillum* com milho na presença de um inibidor da síntese do ácido indol-3-acético (AIA), declaro estar de acordo com o envio do trabalho sob minha orientação para avaliação da banca e defesa pública.

Cascavel, 22 de novembro de 2022.



**RAFAEL RAUBER**  
RG: 8.610.982-4/SSPPR  
CPF: 059.976.109-99